



저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

다음과 같은 조건을 따라야 합니다:



저작자표시. 귀하는 원저작자를 표시하여야 합니다.



비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.



변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리는 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 [이용허락규약\(Legal Code\)](#)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

[Disclaimer](#)

농학석사 학위논문

개체군 활력도 분석을 통한
나도승마(*Kirengeshoma palmata*
Yatabe) 한반도 집단의 보전 연구

A conservation study of
Kirengeshoma palmata Yatabe in Korea
using population viability analysis

2019년 8월

서울대학교 대학원

산림과학부 산림환경학 전공

권 신 영

개체군 활력도 분석을 통한
나도승마(*Kirengeshoma palmata*
Yatabe) 한반도 집단의 보전 연구

A conservation study of
Kirengeshoma palmata Yatabe in Korea
using population viability analysis

지도 교수 장 진 성

이 논문을 농학석사 학위논문으로 제출함

2019년 8월

서울대학교 대학원

산림과학부 산림환경학 전공

권 신 영

권신영의 농학석사 학위논문을 인준함

2019년 8월

위 원 장 _____ (인)

부위원장 _____ (인)

위 원 _____ (인)

초 록

본 연구의 대상종인 나도승마(*Kirengeshoma palmata* Yatabe)는 동아시아의 계곡 부근에 자생하는 수국과의 다년생 식물로서, 국제자연보호연맹(IUCN)의 적색목록(Red List)에는 Endangered B2ab(ii,iii,v)로 분류되어 있어 보전이 필요한 식물이다. 전세계적으로 희귀 식물의 보전을 위해 유전자원의 현재 상태를 평가하기 위한 유전적인 모니터링과 개체군통계적(demographic) 방법을 이용한 모니터링 연구가 활발히 진행되고 있다. 효과적인 정량적 분석 방법 중 하나는 개체군활력도분석(Population Viability Analysis, PVA)이다. 따라서 본 연구에서 광양 백운산과 산청군 웅석봉의 나도승마 자생지를 대상으로 클론 구조 분석을 수행하였으며, 집단별 투영행렬을 작성하여 각 집단의 개체군 성장률을 구하였다. 백운산의 어치계곡 부근의 50m² 방형구의 23개 샘플을 채집하여 microsatellite 분석을 실시한 결과 이 개체들이 총 19개의 유전형으로 구성되는 것이 밝혀졌으며 하나의 밀집된 무리(clump) 단위로 유전형이 구분되었다. 개체군 활력도분석에서는 네 개의 집단이 각각 감소($\lambda = 0.929$), 유지($\lambda = 1$), 성장($\lambda = 1.114$)할 것으로 예측되었다. 그러나 유지, 성장하는 집단 역시 장기간의 관점에서는 외부 요인에 매우 취약한 집단이다. 투영행렬에 대한 탄력성분석을 시행한 결과, 네 집단 모두 성숙개체의 유지 비율이 개체군 크기에 가장 결정적인 인자로 확인되었다. 나도승마의 효과적인 보전 전략을 위해서 집단별 클론 구조 비교 분석과

장기 모니터링 자료를 기반으로 한 개체군활력도분석이 수행될 필요가 있다.

주요어 : 나도승마, 멸종위기식물, 클론구조, microsatellite 마커,
개체군동태연구, 개체군활력도분석

학 번 : 2017-23701

목 차

제 1 장 서 론	1
제 2 장 연 구 사	4
1. 나도승마 연구	4
1.1. 나도승마의 분포	4
1.2. 나도승마의 번식	6
1.3. 나도승마의 유전 다양성	6
1.4. 나도승마의 멸종위기 원인	7
2. 멸종위기식물 보전 연구	9
3. Microsatellite 마커와 클론구조	11
4. 개체군동태 연구	14
제 3 장 재 료 및 방 법	16
1. 조사지 개황	16
2. 클론구조분석	20
2.1. 공시재료	20
2.2. Microsatellite 마커의 분석	21
2.3. 자료의 분석	21

3. 개체군활력도분석	23
3.1. 개체군통계자료의 수집	23
3.2. 투영행렬의 작성	24
3.3. 성장률 계산 및 투영	25
3.4. 탄력성 분석	25
 제 4 장 결 과	 27
1. 나도송마의 클론구조	27
1.1. Microsatellite 마커 선발	27
1.2. 나도송마의 집단 클론구조 형태	27
2. 나도송마의 개체군활력도분석	30
2.1. 나도송마의 개체군 구조	30
2.2. 투영행렬의 작성 및 성장률 분석	35
2.3. 탄력성 분석	43
 제 5 장 고 찰	 45
 인 용 문 헌	 52
 Abstract	 63

List of Tables

Table 1. Location of natural populations of <i>K. palmata</i> in East Asia . . .	5
Table 2. Locations and population sizes of study sites and subplots	18
Table 3. Value of and of each genotype of <i>K. palmata</i>	28
Table 4. The indices of clonal diversity of <i>K. palmata</i>	29
Table 5. Total number of flowers and fruits and fruiting rate at Sancheong-gun(SC) and Mt. Baekun(BU1, BU2, BU3) in 2017 . . .	31
Table 6. Population growth rate and stable stage distribution (SSD)	37

List of Figures

Figure 1. Location of study sites.	19
Figure 2. Location of leaves(stems) sampled in 10m×5m subplot in BU2 population.	20
Figure 3. The life cycle of <i>Kirengeshoma palmata</i>	24
Figure 4. Clone structure of <i>K. palmata</i> at the study site in Mt. Baekun. Colored circles represent ramets in same genet(clone). 29	
Figure 5. The number of flowers and fruits and fruiting rate. . .	31
Figure 6. Subplot maps of <i>K. palmata</i>	32
Figure 7. Population structure of <i>K. palmata</i>	34
Figure 8. Lefkovitch projection matrices of 4 populations . . .	35
Figure 9. Projectons of population growth of <i>K. palmata</i> for 20	

years	41
Figure 10. Projections of population growth of <i>K. palmata</i> for 20 years by 2017–2018, 2018–2019, mean matrix models. . . .	42
Figure 11. Sensitivity matrices of 4 populations	43
Figure 12. Elasticity matrices of 4 populations	44
Figure 13. An individual whose root is exposed and died in Sancheong Population (2018.10.08.).	47
Figure 14. Death of individuals due to soil erosion in BU2 population (2019.06.24.).	48

제 1 장 서 론

나도승마(*Kirengeshoma palmata* Yatabe)는 주로 계곡 부근에 자생하는 수국과의 다년생 식물로서, 전세계에서 동아시아(한국, 중국, 일본)에 분포하는 멸종위기 식물이다. 국내에 알려진 자생지는 전라남도 광양시의 백운산과 경상남도 산청군의 웅석봉 군립공원이다. 중국과 일본에서 역시 나도승마는 극히 제한된 지역에서 작은 크기의 집단으로 분포하는 멸종위기 식물로 여겨지고 있다. 중국의 Plant Red Book에서는 “endangered” 등급으로 등재되었으며(Fu, 1992), 현재까지 자생 집단은 중국 동부의 저장성, 안후이성 등 4개 지역(Zhang et al., 2006)과 일본 큐슈, 시코쿠 지방의 3지역(Ohwi, 1984)이 보고되었다. 국제자연보호연맹(IUCN)의 적색목록(Red List)에는 Endangered B2ab(ii,iii,v)로 분류되어 있어 보전이 필요한 식물이다.

국내에 분포하는 나도승마의 분류학적 위치에 대한 논의가 있으나, 국내의 멸종위기 목록에서는 국내의 나도승마를 중국과 일본의 나도승마와는 구별되는 한반도 고유종인 나도승마(*Kirengeshoma koreana* Nakai)로 보고 있다. 산림청에서 지정한 멸종위기 식물 목록(Korea National Arboretum, 2008)에 따르면 나도승마를 국내에서만 자생하는 한반도 특산식물이며 멸종위기 CR(Critically endangered) 등급으로 지정하였다. 환경부의 야생동식물보호법(ME, 2005)은 나도승마를 멸종위기 야생생물 II 급으로 구분하고 있다. 위 모든 기준에서 나도승마가 야생에서 극도로 높은 절멸 위험에 처해있다고 간주하고 있음을 확인할 수 있다. 그러나 나도승마의 멸종위기 평가는 모두 나도승마의 극히 제한적인 집단의 분포와 적은 개체 수 등에 의한

판단이며, 실제로 나도승마의 멸종 위험성과 멸종위기 원인에 대한 정확한 모니터링 자료는 알려져 있지 않다.

보전의 대상이 되는 식물에 대한 정보는 보전 계획의 수립과 추진에 있어 반드시 필요하며, 개체군이 실제로 감소하고 있는지, 어떤 생태적 특성이 대상 분류군의 멸종 위험을 높이는지 등을 결정하는 요인은 장기적인 모니터링에 의해서 밝혀질 수 있다. 자연에서는 계속해서 우연적 사건이 발생하고 이로 인해 개체군의 변동이 일어나기 때문에 단기간의 정보를 통해서만 실질적인 감소 추세와 감소 원인 등을 알아낼 수 없다(Elzinga et al., 1998). 그러나 멸종위기 식물에 대한 정보는 매우 제한적이며 충분한 정보를 수집하는데 소요되는 시간과 비용이 매우 높기 때문에 개체군통계(demographic)방법이 개발되었으며, 최근에는 장기적인 관점에서 해당 종의 적응력에 영향을 미칠 집단 내 유전자원의 현재 상태를 평가하기 위한 유전적인 모니터링(genetic monitoring)이 수행되고 있다(Aravanopoulos, 2011).

클론 식물은 영양분체(ramet)와 유전분체(genet)의 두 가지 수준으로 개체를 구분할 수 있다. 무성 생식을 통하여 번식한 하나의 작은 단위를 영양분체(ramet)라고 하며, 동일한 유전형을 갖는 영양분체(ramet)들의 집단을 유전분체(genet)라고 한다(Harper, 1977). 일반적으로 유전분체는 지상부를 보고 식별하기 어렵기 때문에 대부분의 현장 연구가 주로 영양분체를 기반으로 이루어진다(Whitford, 1949; Harper, 1977; Silander, 1979; Edwards, 1984). 그러나 나도승마와 같이 클론 번식을 하는 다년생 식물의 경우, 일반적으로 집단의 유전적 구조를 분석하지 않고서는 정확한 개체군 동태 분석을 할 수 없다. 지상부인 영양분체가 독립된 개체로 보이더라도 하나 또는 여러 유전분체들로 구성된 것일 수 있으며 이러한 클론 구조는 종의 멸종 원인에 대해 집단의 크기보다 더 큰 관련이 있다(Wright, 1965).

따라서, 클론 구조 또는 유전 연구는 개체군통계적 연구에 앞서 필수적인 사전 연구이다(Sipes and Tepedino, 1995).

본 연구에서는 microsatellite 분석을 통하여 나도승마 집단을 구성하는 클론 구조를 밝히고, 자생지에서 3년간 수집한 개체군통계 자료를 바탕으로 투영행렬을 작성하여 나도승마의 보전 지위와 취약성을 규명하고자 한다. 이를 통하여 향후 나도승마의 보전 설계에 명확한 근거와 방향을 제시해줄 수 있는 유전적, 생태적 정보를 구축하고자 하였다.

제 2 장 연 구 사

1. 나도승마 연구

1. 1. 나도승마의 분포

나도승마(*Kirengeshoma palmata* Yatabe)는 동아시아에만 분포하는 종으로 한국, 중국, 일본에서 모두 해발고도 800m이상의 고지대에 소수의 개체로 분포하며 수국과 다년생 식물이며 국내에서는 대략 630여 개체가 분포한다고 알려져 있다(IUCN, 2019). 국내에서는 최근까지 전남 백운산 일대에서만 자생하는 것으로 알려졌으나 Hwang et al.(2013)은 산청 웅석봉 일대에서 백운산 이외의 새로운 생육지를 보고하였다. 또한, 경상남도 산청 웅석봉국립공원의 약 40개체의 매우 파편화된 집단이 보고된 바 있으며 산청 웅석봉에서는 교목층에 상수리나무와 노각나무, 아교목층에 합다리나무와 함박꽃나무, 관목층에 국수나무와 작살나무, 초본층에는 산수국이 우점하고 있다. 계곡 사면부의 자연활엽수림이며 암석이 노출되어 있는 급경사 암벽지대에 자생한다. 또한 토양 수분이 종의 생존에 필요한 주요 인자(Kang et al., 2007)이며 대부분의 개체군이 계곡부와 바위 틈에 자생하고 있기 때문에 강우 시 토양 유실이 우려되는 곳에 많이 서식하는 경향을 보인다(Cho et al., 2013).

Table 1. Location of natural populations of *Kirengeshoma palmata* in East

Asia

Country	Locality	Latitude (° N)	Longitude (° E)	Altitude (m)
Korea	Gyeongsangnam-do, Sancheong-gun, Mt. Ungseokbong	35° 23'	127° 51'	700
	Jeollanam-do, Gwangyang-si, Mt. Baekun	35° 06'	127° 37'	500– 1100
	Zhejiang Province, Mt. Tianmushan	30° 20'	119° 26'	800– 1200
	Zhejiang Province, Mt. Longtangshan	30° 07'	118° 53'	1310– 1400
China	Anhui Province, Mt. Huangshan	29° 43'	118° 18'	1120– 1500
	Anhui Province, Mt. Qingliangfeng	30° 06'	118° 51'	1120– 1130
Japan	Kyushu, Oita Prefecture, Mt. Sobo	32° 49'	131° 22'	700–800
	Kyushu, Miyazaki Prefecture, Mt. Shiraiwa	32° 34'	131° 06'	1419– 1500

1. 2. 나도승마의 번식

꽃은 7-8월에 개화하며 정생하는 총상화서에 1~5개의 노란색 종모양 꽃이 교호대생으로 달린다(Lee, 1980). 일반적으로 곤충에 의한 수분으로 종자 번식을 하나, 부분적으로 뿌리 줄기를 통해 무성 번식한다(Chang et al., 2007; Sun et al., 2010). 유성생식에 관여하는 수분매개자로는 꿀벌과(Apidae)의 우수리뒤영벌(*Bombus ussuriensis*), 꼬마광채꽃벌(*Ceratina flavipes*), 그리고 꼬마꽃벌과(Halictidae)의 *Lasioglossum nipponicola*가 꽃에 방문하거나 화분을 채취하는 것이 관찰되었다(Zhang et al., 2006; Chang et al., 2007). 개화 시 성숙한 수술의 길이는 화관 통부보다 짧고, 수술의 성숙 시 암술은 미성숙 상태로 길이가 짧다. 이후 수술에서 약이 터져 나오고 하루 정도의 시간이 지나면 암술이 길어지면서 성숙되어 웅예선숙 현상이 나타난다(Choi, 2002). Chang et al.(2007)에 따르면, 각 꽃의 개화 시기가 달라 한 개체의 개화일수는 한 꽃의 개화일수의 평균 4배까지 길게 개화한다. 따라서 나도승마는 웅예선숙 및 개체 내 개화의 비동시성과 집단 내 개화의 비동시성을 보이며 주변개체들로 화분을 이동시켜 타가수정의 가능성을 높인다.

1. 3. 나도승마의 유전다양성

국내에서는 나도승마의 서식지 환경적 특성과 식생구조(Kang et al., 2007; Cho et al., 2013) 또는 집단별 유전적 다양성 연구가 수행되었으며(Chung et al., 2013), 동위효소를 이용한 유전 구조 분석과 교배전략과 번식전략에 대한 연구가 있었다(Choi, 2002).

동위효소 분석 결과 한 개체군의 개체수가 20개에서 60개까지의 파편화된 개체군에서는 1~3개의 유전형의 빈도가 매우 높게 나타났다. 그리고 이 지역에서는 유전다양성이 높은 개체군과 비교하였을 때, 매우 적은 수의 화아가 형성되며 종자에서 발아한 개체의 생존력이 매우 낮았다. 유전다양성이 낮은 개체군과 비교적 높은 개체군을 비교하였을 때, 종자 발아율은 각각 11%, 12%로 유사하였지만 유전다양성이 낮은 개체군에서의 발아한 개체는 대부분 바로 사망하는 것으로 확인되었다. Han et al.(2014)은 MaxEnt를 이용하여 백운산 지역의 나도승마 자생지에 대해 서식지 적합성 평가를 수행하였으며 그 결과 지형의 유형, 토심, 수분과 빛의 이용도가 나도승마의 서식지 적합성에 가장 크게 영향을 미치는 요인임을 밝혔다.

중국에서는 cpDNA와 ISSR(Qiu et al., 2009), microsatellite 분석(Sun et al., 2010; Yuan et al., 2014)을 이용하여 중국과 일본 집단 사이의 유전적 다양성과 차이에 대한 연구가 수행되었다. ISSR 다양성은 중국의 네 개 집단과 (평균 $H_e=0.170$) 일본의 세 개 집단(평균 $H_e=0.175$)에 비교하였을 때, 한국의 백운산 집단($H_e=0.140$)에서 가장 낮게 나타났다(Qiu et al., 2009).

1. 4. 나도승마의 멸종위기 원인

나도승마의 파편화된 아집단 모두는 크기가 감소하고 있으며 일본과 한국 집단에서는 인간 활동과 산림 개발, 토양 침식 등에 의해 멸종위기에 처해 있다(IUCN, 2019). 일본에서는 인가와 인접한 길가 옆의 집단에서 인간의 교란에 의한 아집단의 절멸이 발생하는 것이 보고되었고(Tokushima Committee for Endangered Species Conservation 2010), 국내에서도 등산로와 인접한 집단에서 인위적

훼손이 우려되고 있다(Cho et al., 2013). 또한 파편화된 집단의 무성 번식은 지역 멸절을 지연시킬 수 있으나 이는 결국 진화의 막 다른 단계로 이어질 것이다(Chang et al., 2007). 일본에서는 일본사슴(*Cervus nippon*)이 나도승마의 유식물과 성숙개체를 먹어 주요 멸종 위협 요인으로 작용하고 있으며 이를 막기 위해 나도승마 자생지 주위에 울타리를 설치하는 등의 관리를 시행하였다(Yamashiro, 2008; Tokushima Committee for Endangered Species Conservation, 2010). 그리고 나도승마는 토양 유실의 위험이 있는 계곡부에 자생하기 때문에 재해로 인한 대규모의 사망 또는 서식지 훼손이 일어날 수 있다. 또한 완전한 타가수분 기작을 가지고 있어 결실율이 적고 이는 개체군과 유전 다양성이 감소로 이어진다(Chang et al., 2007). IUCN(2019)의 Red List에서 명시하고 있는 나도승마 집단 감소에 대한 가장 큰 위협 요인은 식물체에 대한 인간의 이용이며 추가적으로는 인간에 의한 교란을 감소 원인으로 보고 있다.

2. 멸종위기 식물 보전 연구

Shaffer(1981) 집단 내 멸종 가능성에 영향을 주는 요인을 1) 개체군통계적 불확실성(Demographic uncertainty 또는 stochasticity), 2) 환경적 불확실성 3) 자연 재해 4) 유전적 불확실성의 네 가지 범주로 구분하였다. 이러한 네 범주의 상호작용에 대해 연구하여 종의 멸종 가능성을 밝히는 연구를 개체군활력도분석(Population Viability Analysis, PVA)이라고 한다(Soulé and Simberloff, 1986; Shaffer, 1990). 유전적 그리고 개체군통계적 불확실성은 50개체 미만의 아주 작은 집단에서 매우 중요한 요인이 된다(Meffe and Carroll, 1997). Oostermeijer et al.(2003)은 Institute for Scientific Information의 Science Citation Index 데이터베이스를 포함하여 1979년부터 2000까지의 식물의 보전 생물학에 관한 문헌을 분석하였다. 총 492개의 논문 및 문헌 중에서 개체군통계적 연구와 개체군활력도분석(PVA)에 대한 100개 이상의 연구가 수행되었지만, 이 연구들에서 종의 유전적인 정보는 거의 포함되지 않았다. 특히 개체군통계적, 번식, 유전적 요인의 상호작용에 대한 연구는 단 3개뿐이었다. 그러나 멸종위기 식물의 집단에서 발생하는 자가수분, 근교약세, 적은 종자 생산 등이 개체군활력도에 미치는 영향을 이해하기 위해 이러한 연구들을 통합적으로 수행할 필요가 있다(Lande, 1998; Menges, 2000).

우리나라에서 멸종위기야생식물에 대한 멸종 위험 평가는 현황자료의 부족, 각 개체군의 크기 변화에 대한 정량적인 조사 정보의 부족과 더불어 각각의 종이 소유하는 생활사 특성, 생태적 지위, 종의 산포

기작이나 재정착 기작에 대한 정보 없이 평가되고 있다. 멸종 위기 원인에 대하여 주관적인 판단 또는 공식적으로 발표되지 않은 자료를 기반으로 평가하고 있어 결과적으로 멸종위기야생식물에 대한 멸종위험이 과대평가 또는 과소평가된다(NIBR, 2012; Chang et al., 2005; Kim et al., 2016). 국내의 멸종위기 식물 보전 관점에서의 연구는 대상 식물의 자생지 환경의 조건을 비교, 평가하거나 단기간의 생태적 정보를 수집하는 등의 정성적 연구에 집중하고 있다(Pi et al., 2016). 개체군통계학적 연구 역시 아직 개체군의 생활사 단계에 따른 구조를 제시하고 비교하는 연구만 수행되었으며(Lim et al., 2005; Kim et al., 2016), PVA와 같은 정량적인 분석은 Park(2014)의 금강초롱(*Hanabusaya asiatica*) 개체군 연구와 Cho et al.(2019)의 광릉요강꽃(*Cypripedium japonicum*) 개체군 연구가 수행된 바 있다.

3. Microsatellite 마커와 클론구조

멸종위기 식물에 대한 연구에서 식물의 클론번식은 보전방안을 세울 때 고려해야 할 중요한 부분으로 언급된다(Xie et al., 2001; Mi et al., 2004). 대상종의 현지 내 보전을 위해 집단의 유전다양성을 평가할 때나 현지 외 보전을 위한 개체 선발에서 이용될 수 있기 때문이다(Sydes and Peakall, 1998). 종자번식과 클론번식을 겸하는 식물은 이러한 번식기작이 개체의 생활사와 집단의 유지 및 발달에 직접적으로 영향을 미친다고 알려져 있다(Fischer and Van Kleunen, 2001; Watkinson and Powell, 1993; Lee, 2017). 또한 클론 구조와 무성 생식 유형에 대한 이해는 개체군 활력도 분석에서 보다 실제에 가까운 모형을 만드는데 도움이 될 수 있다. 식물 행렬 개체군 모형(Matrix Population Model, MPM) 데이터베이스인 COMPADRE와 CLO-PLA에서 제공하는 55종의 무성번식 식물에 대한 연구들을 분석한 결과, 30%는 클론 번식을 전혀 고려하지 않았으며 30%는 클론 번식을 모영양분체(mother ramet)의 성장의 일부로 포함시켰으며, 40%는 개별적인 번식 경로로 다루었다. 이 중 절반(22%) 만이 클론 번식에 대한 분리가능한 부분 행렬을 제시하였다(Janovský et al., 2017). 클론 번식은 같은 유전형을 확산시키는 것이기 때문에 무시하는 경우도 있으나, 클론 번식은 잠재적으로 독립적인 개체들을 생산할 수 있기 때문에 하나의 번식 경로로 간주될 필요가 있다.

Microsatellite는 DNA 상에서 반복되는 짧은 염기서열으로 종 내 개체 간에도 염기서열의 반복 수에서 변이가 발견되는 microsatellite

마커가 클론구조 연구에 적절하다고 알려져 있다(Avise, 2004). 식물의 클론번식 형태에는 같은 유전분체에 속하는 영양분체끼리 모여있는 밀집 형태와 영양분체의 분포가 무작위로 나타나는 혼합 형태가 있다(Charpentier, 2002). 밀집 형태는 영양분체간의 거리가 가까워 근친교배가 일어날 가능성이 커지기 때문에 집단 내 대립유전자의 분포가 일정한 구조를 구축한 형태를 나타낼 가능성이 높고, 반면에 혼합 형태는 클론의 크기가 작고 다른 영양분체들이 섞여 있어 타가교배의 확률이 커지고 집단 내 대립유전자가 무작위로 배열될 가능성이 높다고 알려져 있다(Fischer & Van Kleunen, 2002). 이와 같은 클론 구조에 대한 이해는 집단 우선 순위 결정, 개체 재도입, 현지의 보전 등 보전 관리 방안을 구체화할 수 있다.

특히 현지 외 보전에 있어 가능하면 많은 수의 개체를 확보하는 것이 가장 좋지만 보전 관리에서 사용되는 자원을 효율적으로 할당하기 위해서는 수집할 개체수를 적절하게 결정할 필요가 있다. Brown and Briggs(1991)에 따르면, 자생지에 존재하는 서로 다른 유전형 또는 genet의 수를 조사하여 현지 외 보전 과정에서 수집할 표본 크기를 결정하는 데 이용할 수 있다. 서로 다른 대립유전자들의 조합은 다양한 표현형을 위해 필요하며 무성번식을 하는 클론 식물의 경우 유전 다양성을 클론 다양성으로 측정할 수 있다. 또한 클론에 대한 공간적 분포 정보가 있는 경우, 다양한 유전적 배경을 가진 개체의 수집이 가능하다(Escudero et al., 2003). 따라서 보전을 위한 개체군의 클론 구조 파악을 위해 다양한 연구가 시행되었으며(Lynch et al., 1998; Sydes and Peakall, 1998; Suzuki et al., 1999; Burke et al., 2000) 특히 다수의 논문에서 현지의 보전의 개체 표본 수집을 위한 공간적 수집 기준을 제시하였다. Torimaru and Tomaru(2005)는 ISSR 마커를 이용하여 13000m²의 면적에서

돌콩(*Glycine soja*)의 유전 구조를 조사한 결과, 돌콩의 유전적 다양성 보전을 위해 전체 야생 집단에 걸쳐 10m 간격으로 개체를 채집할 것을 제안하였다. 국내에서 수행된 RAPD와 ISSR 마커를 이용한 가시오갈피(*Eleutherococcus senticosus*)의 공간적 클론 구조 분석(Hong and Lee, 2015)에 따르면, 경사면을 따라 2m 이상 또는 1.4m 간격으로 개체를 수집하는 것이 가시오갈피의 현지 외 보전에 있어 이상적이라고 밝혔으며 Chung et al.(2006)은 멸종 위기에 놓인 개느삼(*Echinosophora koreensis*)의 유전 다양성을 보장하기 위해, 전체 개체군에 걸쳐 10~12m의 거리에 있는 개체를 수집할 것을 제안하였다.

또한 현지 외 보전을 위한 개체 수집 방법 이외에도, 클론 구조 결과 자생지의 개체군이 극히 적은 클론 또는 단일 클론으로 구성될 경우 즉각적인 재도입을 제안할 수 있다. SSR과 RAPD 분석을 통해 담팔수과의 Hairy Quandong(*Elaeocarpus williamsianus*)의 유전 구조 분석을 수행한 연구(Rossetto et al., 2004)에서는 7개의 대상지 중 6개의 대상지가 모두 단일 클론이었으며, 한 대상지에서 두 개의 서로 다른 유전형 있는 나무들에서만 활력 종자가 생산되었다. 따라서 이렇게 극히 적은 클론이 존재할 경우 즉각적인 현지 내 보전 관리가 필요함을 알 수 있다.

4. 개체군통계적 연구

전 세계적으로 멸종위기 식물의 보전을 위해 개체군통계적 방법을 이용한 모니터링 연구와 모델링이 활발히 진행되고 있다. 인구통계학적 방법이란, 한 집단에서의 출생, 성장, 번식, 사망에 대한 정량적 측면을 다루며(Solbrig, 1980), 이러한 생활사의 흐름을 통해 결정되는 개체군 동태를 이해하는 관점의 연구이다(Caswell, 1989). 이와 같은 정량적 분석은 어떤 분류군에 대해 알려진 생활사와 서식지 필요조건, 위협, 구체적인 경영 대안 등의 정보를 기반으로 해당 분류군의 멸종 가능성을 추정할 수 있으며 개체군 활력도 분석(Population Viability Analysis, PVA)은 정량적 분석 기술 중 하나이다(IUCN Standards and Petitions Subcommittee, 2017). 개체군 활력도 분석은 멸종위기종의 멸종 위험을 예측하고 보전 전략에서의 대안들을 비교하기 위해 보전생물학에서 광범위하게 이용되었다. 1960년대 중반 이후 행렬을 이용한 개체군통계연구는 개체군의 상태와 멸종 위협을 알아낼 수 있는 강력한 도구로서 각광받았고, 약 40년간 기하급수적으로 증가했다(Crone et al., 2011). 또한 멸종위기종의 현재 개체군 동태를 바탕으로 미래의 개체감소율을 정량적으로 투영하여 신뢰할 수 있는 멸종위기종 목록을 만드는데 사용될 수 있다. Brook et al.(2000)에 따르면, 21개의 장기간의 생태학적 연구를 기반으로 PVA의 예측 정확성을 평가한 결과, PVA 예측 방법이 실제와 매우 가까운 값을 추정하였다.

개체군활력도분석은 기본적으로 분석을 통해 개체군 미래 크기를 예측할 수 있으며, 이와 함께 투영된 성장률을 결정하는 중요 생활사를 규명하는데 이용되었다(Silvertown et al. 1993; Oostermeijer et al. 1996; de Kroon et al. 2000). 이와 같이 개체군활력도분석은 제한적 정보를 통해 개체군의 멸종와 성장을 예측할 수 있기 때문에 멸종위기식물의 보전을 목적으로 다양한 접근의 연구들이 수행되었다. 예를 들어, 개체군활력도분석은 보전을 위한 인공개체군의 성장률을 쉽게 예측하거나, 모델의 예측 결과를 비교하여 적절한 보전 시나리오를 결정할 수 있다(Bakker and Doak, 2009). Pfab과 Witkowski(2000)는 개체군활력도분석을 통해 멸종위기식물 *Euphorbia clivicola*의 집단에 대해 설계된 네 가지 보전 관리 시나리오의 상대적 효과를 비교하였으며 그 결과 불을 이용한 식생 제거, 초식동물의 제한과 미성숙개체의 도입 조치가 모두 시행되어야 개체군이 증가할 수 있었다. 그리고 1999년에 수집된 자료를 통해 이 모델을 검증하여 개체군활력도분석이 보전관리에 유용함을 입증하였다.

또한 최근의 연구들에서는 클론 번식을 하는 식물들의 영양 생식과 유성 생식이 모두 고려되고 있다(Marcante et al., 2009; García et al., 2010). Wepler et al.(2006)은 개체군의 성장률에 유성 번식과 클론 번식이 기여하는 정도를 비교하였으며, *Geum reptans* 집단은 두 번식 기작의 기여도가 유의미하게 다르지 않음을 입증하였다. 또한 종자를 통한 도입은 환경적으로 안정적일 때 개체군 증가에 기여하는 반면, 클론 번식은 덜 유리한 환경일 때 개체군 증가에 기여함을 밝혔다.

제 3 장 재 료 및 방 법

1. 조사지 개황

서울대학교 남부학술림의 조사 자료와 나도승마 현지외보전기관인 신구대학교 식물원의 개체 조사 정보를 이용하여 광양시 백운산과 산청군 웅석봉의 나도승마 자생지를 조사하였다.

광양 백운산은 백운산은 전라남도 광양시 봉강면·다압면·옥룡면·진상면 그리고 구례군 간전면과 경계에 위치하고 있는 산으로 최고봉인 상봉의 높이는 1,222 m이다. 지리산 노고단(1,507 m)·만복대(1,437 m)·반야봉(1,732 m) 등과 함께 소백산맥의 고봉으로 전라남도에서 노고단 다음으로 높다. 서쪽으로 따리봉(1,147 m), 도솔봉(1,123 m) 동쪽으로 매봉(867 m), 억불봉(990 m)을 중심으로 남쪽을 향해 뻗치는 4개의 지맥을 형성하고 있으며, 섬진강 하류를 사이에 두고 남쪽은 백운산 북쪽은 지리산 권역이다. 다양한 식생이 잘 보존되어 있으며 환경부 멸종위기종 1급 광릉요강꽃과 2급인 세뿔투구꽃의 서식지이기도 하다. 서울대학교 남부학술림에서 운영하고 있는 백운산 한재(고도 850m) 기상관측소의 최근 9년간(2006~2014) 기상관측자료에 의하면

연평균기온이 9.83° C 였으며, 1월 평균기온이 2.65° C, 8월 평균기온이 20.9° C였다. 연평균 강수량은 1,343.4 mm이었고, 4월 평균 강수량이 111.4 mm, 7월 평균 강수량이 218.43 mm, 8월 강수량이 254.38 mm로 나타났다(Cho et al., 2015).

웅석봉은 행정구역상 경상남도 산청군 산청읍 내리와 삼장면 홍계리, 단성면 청계리의 경계에 위치한 산으로 높이가 1,099m이다. 지리적으로 북위 35° 21' , 동경 127° 52' 에 위치하고, 1983년 국립공원으로 지정되었다. 지리산 천왕봉(1,915 m)에서 갈라져 나온 산으로, 조사지역의 동쪽으로는 지리산(1,915 m)이 위치하며, 북쪽으로는 황매산(1,104 m)이 위치한다. 웅석봉은 지리산에 속하며 지형은 소백산맥의 남 단에 솟아 용기와 침석이 거듭되어 단계적으로 산간분지, 고원지대, 평탄지대 등이 형성되어 깊은 골짜기들이 형성되었고, 화강암과 화강편마암이 주로 분포되어 있다.

나도승마의 자생지 중에서 개체군의 구조를 조사할 수 있을 정도로 개체군의 크기가 크고, 접근이 용이한 지역 4곳을 클론구조 분석과 개체군통계적 자료 수집 대상지로 선정하였다(Figure 1). 4개의 조사대상지 중 1개는 경상남도 산청군 웅석봉국립공원 부근의 집단(SC)이며, 나머지 3곳은 전라남도 광양시 백운산의 억불봉 참샘이골(BU1)과 어치계곡 부근(BU2), 정상(BU3)의 집단이다. Table에 조사대상지에 대한 정보를 나타내었다. 나도승마가 계곡을 따라 약 40에서 60m까지 길게 분포하는 것을 확인하였고, 조사대상지 내의 소방형구 5mx5m 2개씩 설치하여 이 방형구내의 개체들에 대해 개체군통계 자료를 수집하였다.

Table 2. Locations and population sizes of study sites and subplots

Population code	Total population				Subplot*2 (50m ²)	
	Latitude/ Longitude	Altitude (m)	Area (m ²)	N (2017)	n (2017)	n (2018)
SC	N35.39/ E127.86	701	800	179	66	64
BU1	N35.07/ E127.65	863	1400	174	47	47
BU2	N35.06/ E127.66	520	150	72	42	26
BU3	N35.11/ E127.63	1082	800	134	80	80

N, total number of individuals; n, number of individuals in 2 subplots

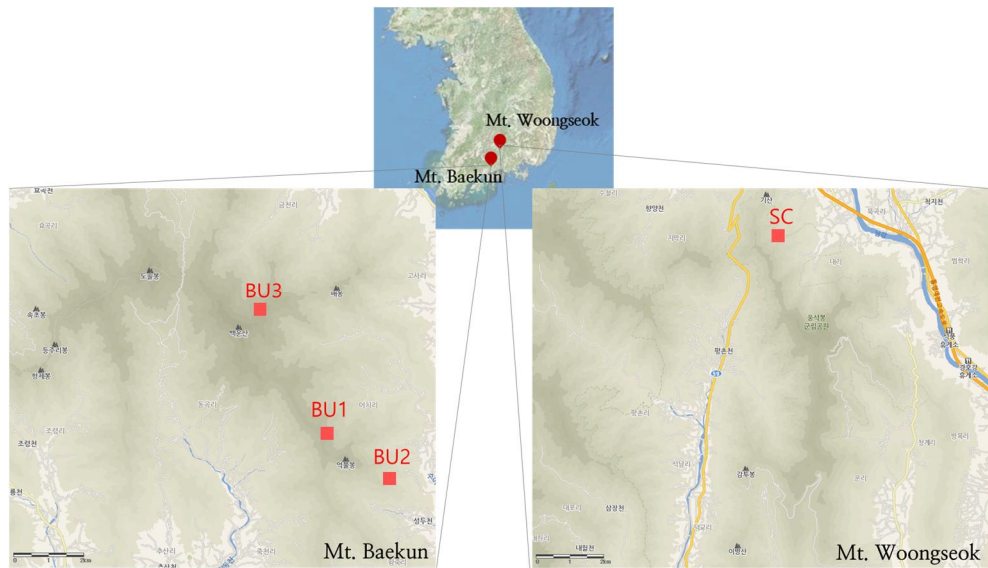


Figure 1. Location of four study sites in Mt. Baekun and Mt. Woongseok

2. 클론구조 분석

2. 1. 공시재료

나도승마 집단이 위치한 백운산과 산청의 집단 중 백운산 어치계곡 부근의 집단(BU2)을 클론구조 분석 대상으로 선정하였다. 선정 이유는 이 집단이 다른 집단에 비해 밀집되어 있으며, 어린 유묘가 발견되는 집단으로 유성 생식과 무성 생식의 정도를 비교할 수 있기 때문이다. 가로 10m, 세로 5m의 직사각형 모양의 방형구에서 23개의 독립된 군생(clump) 형태로 보이는 개체의 잎을 채집하였다(Figure 2).

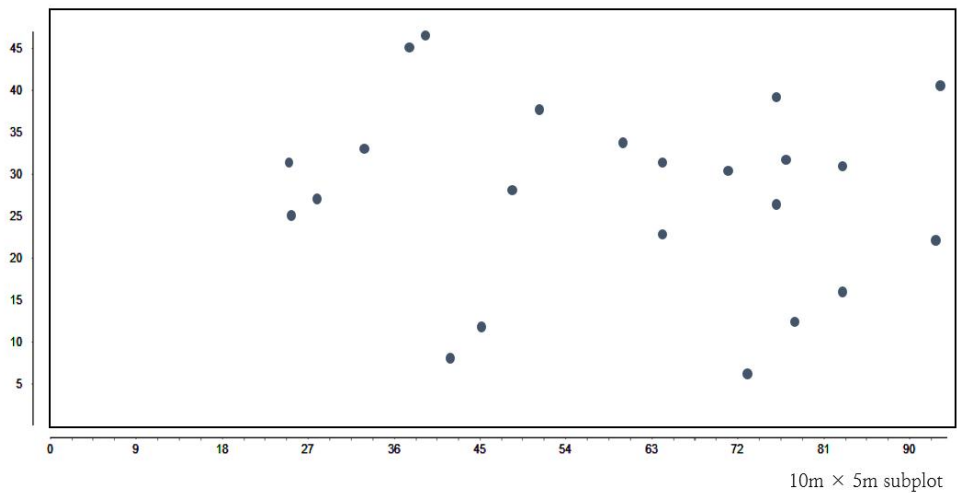


Figure 2. Location of leaves(stems) sampled in 10m×5m subplot in BU2

population.

2. 2. Microsatellite 마커의 분석

채취한 나도승마의 잎에서 DNA를 분리하기 위하여 잎과 지름 2 mm의 스테인리스 비드 2개를 2 mL Eppendorf centrifuge tube에 넣고 TissueLyser II(Quiagen)를 이용하여 1분 간 마쇄하였다. 마쇄된 분말 30 mg을 1.5 mL Eppendorf centrifuge tube에 옮긴 후 DNA extraction buffer(AP1, Quiagen) 400 μ L와 RNase A stock solution(100 mg/mL) 4 μ L를 첨가하고 완전히 섞이도록 흔들어 준 다음 65°C에서 1시간 동안 중탕하고 Quiagen사에서 제공한 protocol에 따라 DNA를 분리하였다. 분리된 DNA는 분광계 NanoDropTM 2000(Thermo Scientific)을 이용하여 농도를 측정 한 후 PCR에 사용하기 위해 최종 농도를 100ng/ μ L로 희석하였다.

microsatellite 마커는 유전적 다양성이 높기 때문에 분자 마커 중에서도 집단 유전 연구에 특히 효과적이며(Chistiakov et al. 2006), 전통적인 유전 다양성 연구와 클론 판별, 친자 분석 등에도 적합하다(Chistiakov et al. , 2006; Halkett et al., 2005). 또한 기술적인 발전으로 새로운 종에 대한 microsatellite 자원 개발이 가속화되고 있다(Castoe et al. 2010; Kijas et al. 1994). 본 연구에서는 나도승마를 대상으로 개발된 마커 중 다형성을 보이는 12개의 마커를 이용하였다.(Sun et al., 2010) 그리고 마커의 염기서열에 형광표지 6-FAM을 결합시켜 PCR 한 후 전기영동에서 증폭된 유전자형을 확인할 수 있도록 하였다. PCR 조건은 95°C에서

5분간 진행한 이후, 1단계에서는 95℃ 30초, 프라이머별 적정 결합 온도(annealing temperature)에서 45초, 72℃에서 1분 30초로 총 세 단계를 30번 반복하였다. Applied Biosystems® 3730 Genetic Analyzers (Life Technologies™)를 이용하여 전기영동을 실시하고 혼합물 내 형광물질을 탐지하여 증폭산물을 분석하였다. 분석이 완료된 자료는 GeneMapper® 5 프로그램(Life Technologies™)을 통해 증폭산물의 크기를 기준으로 나타낸 피크(peak)를 확인하여 분석하였다.

2. 3. 자료의 분석

증폭산물의 피크를 조사하여 클론구조 분석 프로그램 프로그램 Genclone 2.0(Arnaud-Haond and Belkhir, 2006)을 통해 나도승마의 클론구조를 파악하였다.

동일한 유전형을 갖는 두 개체가 같은 유전분체(genet)에서 유래한 영양분체(ramet)인지 통계적으로 검증하기 위해 P_{GEN} (probability of genotype) 및 P_{SEX} (probability of sex) 값을 계산하였다. 수식은 다음과 같다.

$$P_{GEN} = (\prod p_i)2^h$$

p_i 는 대립유전자 빈도수, h 는 이형접합인 유전자위의 개수이다. N개의 개체로 이루어진 집단에서 같은 유전형이 n번 관찰될 때, P_{SEX} (probability of sex)는 다음의 식으로 나타낼 수 있다.

$$P_{SEX} = \sum_n^N \frac{N!}{n!(N-n)!} (P_{GEN})^i (1 - P_{GEN})^{N-n}$$

이러한 확률계산은 연구집단이 하디-바인베르크 평형(Hardy-Weinberg equilibrium)을 갖는다는 가정 아래 수행되고, 클론구조 분석 프로그램 MLGSim 2.0(Stenberg et al., 2003)을 이용하여 이루어졌다.

3. 개체군활력도분석

3. 1. 개체군통계 자료의 수집

현장 조사는 3년 동안(2017-2019) 나도승마의 개화절정기인 7월 말-9월 초에 실시하였다. 본 연구에서 사용한 Lefkovitch 행렬 모델(Lefkovitch, 1965)은 개체군의 추세, 개체군 성장에 영향을 주는 생활사 단계, 개체군의 수명과 성장률을 예측하는데 사용되어 왔다. 이 모델은 주로 동물을 대상으로 개발되었던 나이 기반의 Leslie 행렬 모델(Leslie, 1945)을 나이와 상관 없는 개체의 상태를 기반으로 행렬을 작성할 수 있도록 수정된 모델이다. Lefkovitch의 모델은 개체의 나이에 대한 정보는 필요하지 않으나, 개체군을 여러 생활사 단계로 구분하여 전체 생활사를 완성 해야 한다. 따라서 나도승마의 생활사를 다음과 같은 세 단계로 구분하였다(Figure 3). 나도승마 1년생은 자엽(초기에 탈락 가능)과 거치가 없는 초기 본엽의 유무로 식별할 수 있다. 일반적으로 파종 후 4년이 지나야 개화하고 그 이후의 생활사는 재배 조건에 따라 생육이 달라질 수 있다고 알려져 있다. 연령이 높은 개체일수록 줄기의 길이와 개수가 늘어나지만 그로부터 정확한 연령을 구분하는 것은 불가능하다. 개체군통계자료의

수집 시 생활사를 나누려면 구분하는 각 단계가 생물학적으로 의미가 있어야 하고, 모든 사람이 동일하게 인식이 가능한 단위여서 조사자에 따른 오류가 없어야 한다(Elzinga et al., 1998). 따라서 본 연구에서는 생활사 단계를 유식물(seedling), 미성숙개체(juvenile), 성숙개체(adult)로 구분한다. 줄기의 수가 1개이며 자엽 또는 초기 본엽을 관찰 가능한 초고 10cm 미만 개체를 유식물로 보았고, 미성숙개체와 성숙개체의 구분은 꽃대의 유무로 보았다. 엽수와 줄기 당 꽃의 수도 함께 기록하였다. 클론구조 분석 전 무성번식의 특성을 규명하기 위해 조사구 이외에서 나도승마의 뿌리를 캐서 관찰했다. 통상 30 ~ 50cm 내외의 줄기들이 하나로 연결되므로 30cm 이내의 줄기들을 한 개체로 보고 개체군통계자료를 수집, 분석하였다.

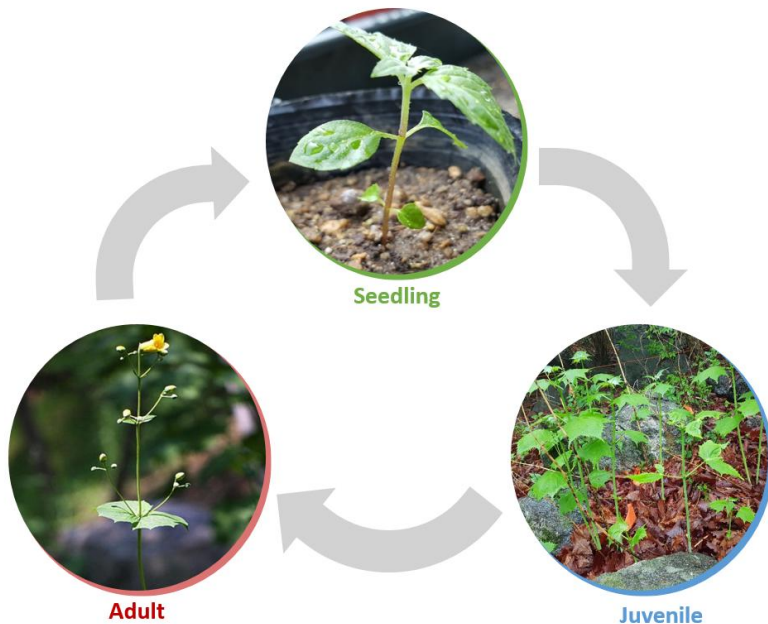


Figure 3. The life cycle of *Kirengeshoma palmata*.

3. 2. 투영행렬의 작성

개체군 내 변동사항을 바탕으로 개체군 투영행렬을 작성한다. Lefkovitch 투영행렬 모델은 그림 1의 생활사와 전이행렬을 기준으로 하며, 투영의 기본 구조는 $n(t+1)=An(t)$ 이다 (Lefkovitch, 1965). $n(t)$ 는 시간 t 에서 각 단계별 개체수를 나타내는 열 행렬이고, 행렬 A 는 모든 성분이 음수가 아닌 정사각 전이행렬[square transition matrix]이다(Eq. 2). A 는 n_i 에서 n_j 으로 전이할 확률 a_{ij} 로 구성되며, 확률 값은 초기 i 단계였던 개체들의 수로 다음해 i 에서 j 로 이동한 수를 나눠 구한다. 이는 개체의 전이가 초기에 어떤 단계였는지에 의해서만 결정될 뿐, 그 이전의 전이에 대해서는 독립이라는 가정에 의한다.

3. 3. 성장률 계산 및 투영

전이행렬 A 와 초기 열 행렬 $n(t)$ 을 곱하면 1년 후 개체군의 크기와 생활사 단계 별 분포를 계산할 수 있다. 같은 방법으로 수차례 곱셈을 반복하면 개체군은 고정된 생식 값(v)의 분포와 일정한 성장률(λ)에 도달해 안정적인 분포 양상(w)을 띄게 된다. 개체군 성장률은 λ (lambda) 값으로 주어지는데, $\lambda > 1$ 이면 개체군은 지수성장하고, $\lambda = 1$ 이면 개체군이 평형상태로서 증감이 없는 상태를, $\lambda < 1$ 일 때 개체군은 감소함을 의미한다. λ 는 전이행렬 A 의 최대 고유치(dominant eigenvalue)이고, w 와 v 는 각각 우측, 좌측 고유벡터이다(Caswell, 2001).

$$A = \begin{pmatrix} 0 & 0 & f \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \\ 0 & a_{32} & a_{33} \end{pmatrix} \quad n(t) = \begin{pmatrix} n_1 \\ n_2 \\ n_3 \end{pmatrix}$$

3. 4. 탄력성 분석

전이행렬 A의 각 성분이 개체군 성장률 λ 에 미치는 영향을 측정하는 민감도분석(sensitivity analysis)은 전체 개체군의 크기에 가장 결정적인 영향을 미치는 생활사 단계를 규명해내어 멸종위기 식물 개체군이 지닌 수많은 잠재적인 위협요인의 범위를 좁혀갈 수 있다. 민감도행렬 sij의 각 성분은 다음 식의 값을 의미한다.

이후 Kroon et al. (1986)은 전이행렬 A의 각 성분을 일정 비율로 변화시켰을 때 λ 에 미치는 영향을 측정하는 탄력성 분석(elasticity analysis)을 제시했다. 탄력성행렬 eij의 각 성분은 계산 값이다.

본 연구에서는 각 전이행렬에 대한 탄력성행렬을 작성하고, 성분 중 최고값인 것을 해당 조사구의 크기 결정에 가장 결정적인 전환단계라고 보았다. 한 집단의 개체군 크기는 집단 내 개별 조사구에서 탄력성 분석 결과 선택된 행렬 성분 중 최빈값인 것을 선택한다(Byers and Meagher, 1997).

$$Sensitivity = \begin{pmatrix} s_{11} & \cdots & s_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ s_{n1} & \cdots & s_{nn} \end{pmatrix}$$

where

$$s_{ij} = \frac{\partial \lambda}{\partial a_{ij}}$$

for $i=1, 2, \dots, n$ and $j=1, 2, \dots, n$

$$Elasticity = \begin{pmatrix} e_{11} & \cdots & e_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ e_{n1} & \cdots & e_{nn} \end{pmatrix}$$

where

$$e_{ij} = \frac{a_{ij}}{\lambda} \cdot s_{ij} = \frac{a_{ij}}{\lambda} \cdot \frac{\partial \lambda}{\partial a_{ij}}$$

for $i=1, 2, \dots, n$ and $j=1, 2, \dots, n$

제 4 장 결 과

1. 나도승마의 클론구조

1.1. Microsatellite 마커 선발

나도승마를 대상으로 개발된 microsatellite 마커를 이용하여 백운산 어치계곡 부근 집단(BU2)의 개체에 적용하였다. PCR 결과 마커 12개에서 모두 증폭산물의 존재가 확인되었다. 이 중 동일한 유전형을 보이거나 피크가 부정확한 3개의 마커를 제외하고 9개의 마커를 클론구조 분석에 이용하였다.

마커의 변별력을 검증하기 위해 산출한 P_{GEN} 및 P_{SEX} 값은 Table 3에 정리하였다. 임의교배에 의해 동일한 유전형을 가질 수 있는 확률이 0이거나 0($P < 0.001$)에 가깝게 나왔는데, 실제 같은 유전형의 개체들은 방형구 내에서 반경 1m 이내에 분포하였으며 독립된 유전형들은 개별적인 무리를 이루고 있었다. 따라서 동일한 유전형이 확인된 영양분체(ramet)는 같은 클론이라고 판단하였다.

1.2. 나도승마 집단의 클론구조 형태

Microsatellite 분석 결과 10m×5m 방형구 내에서 채취된 23개의 샘플은 총 19개의 유전형(genotype)으로 구분되었다(Table 4). 같은 유전형(클론)의 영양분체를 표현한 분포도를 제시하였다(Figure 4). 나도승마의 클론은 같은 영양분체끼리 모여 있는 밀집된 형태로 존재했으며 하나의 밀집된 군생(clump) 형태가 근접한 군집과는 다른 유전형을 가지고 있는 경우가 많았다.

Table 3. Value of P_{GEN} and P_{SEX} of each genotype of *K. palmata*.

MLG	P_{GEN}	P_{SEX}
1	7.09E-06	0
2	3.88E-07	0
3	2.66E-06	0
4	1.79E-06	1.02E-14
5	1.32E-06	0
6	5.56E-06	0
7	7.89E-05	0
8	5.03E-08	0
9	4.15E-07	0
10	0.000158	0.00363
11	6.44E-05	0
12	1.02E-05	0
13	5.93E-08	0
14	0.001204	0
15	0.000736	0
16	0.000278	0

Number of samples	Number of genets	Shannon (H')	Eveness (V)
23	19	2.834	0.963
17	0.000156		0
18	0.000484		0
19	4.02E-07		0

Table 4. The indices of clonal diversity of *K. palmata*

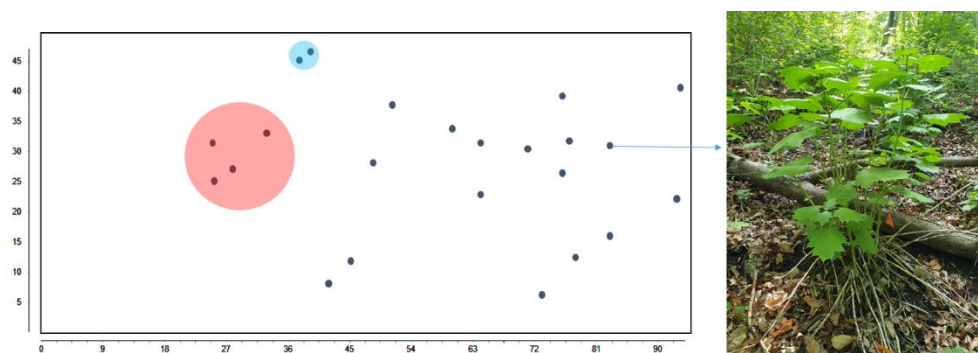


Figure 4. Clone structure of *K. palmata* at the study site in Mt. Baekun. Colored circles represent ramets in same genet (clone).

2. 나도승마의 개체군활력도분석

2.1. 나도승마의 개체군 구조

네 개의 조사대상지에서 각각 2개의 5m×5m 소방형구(subplot)를 설치하여 개체들의 위치를 기록하고 3년동안 개체의 생활사 변화를 관찰하였다(Figure 6). 조사된 개체는 2017년 기준으로 각각 66개체(SC), 47개체(BU1), 42개체(BU2), 80개체(BU3)였다. 이 중 성숙개체의 수는 각각 14개체(SC), 34개체(BU1), 14개체(BU2), 25개체(BU3)였다. 성숙개체에서 개화한 꽃의 수는 130개부터 316개까지 많은 수의 꽃이 개화하는 것을 확인하였으나, 9-10월 동안 실시한 결실기 조사에서 BU3 집단을 제외하고 대부분의 꽃이 결실되지 않았다(Table 5).

2017년도 7월부터 11월까지 소방형구내의 나도승마 꽃의 수와 열매의 수를 관찰하고 각 집단 전체의 꽃 수와 열매 수의 비율로 전체 결실율을 구하였다(Figure 5). BU3 집단의 경우 늦은 개화기에 조사를 시작하여 제외하였다. SC 집단의 결실율이 38%로 가장

높았으며, BU1은 16%, BU2는 12%로 매우 낮은 결실율을 보였다. 관찰 결과 한 개체당 많게는 20개 이상의 꽃이 개화하지만 대부분의 꽃이 열매로 성숙하지 못하고 꽃 전체가 탈락한다. 정확한 원인은 알 수 없었으나 결실하지 못하여 탈락하거나 장마철 강우 피해로 꽃이 탈락하는 것으로 추정된다.

Table 5. Total number of flowers and fruits and fruiting rate at

	SC	BU1	BU2	BU3
Total number of mature individuals	14	34	14	25
Total number of flowers	177	316	270	131
Total number of fruits	67	50	32	97
Fruiting rate (%)	37.85	15.82	11.85	74.05

Sancheong-gun(SC) and Mt. Baekun(BU1, BU2, BU3) in 2017.

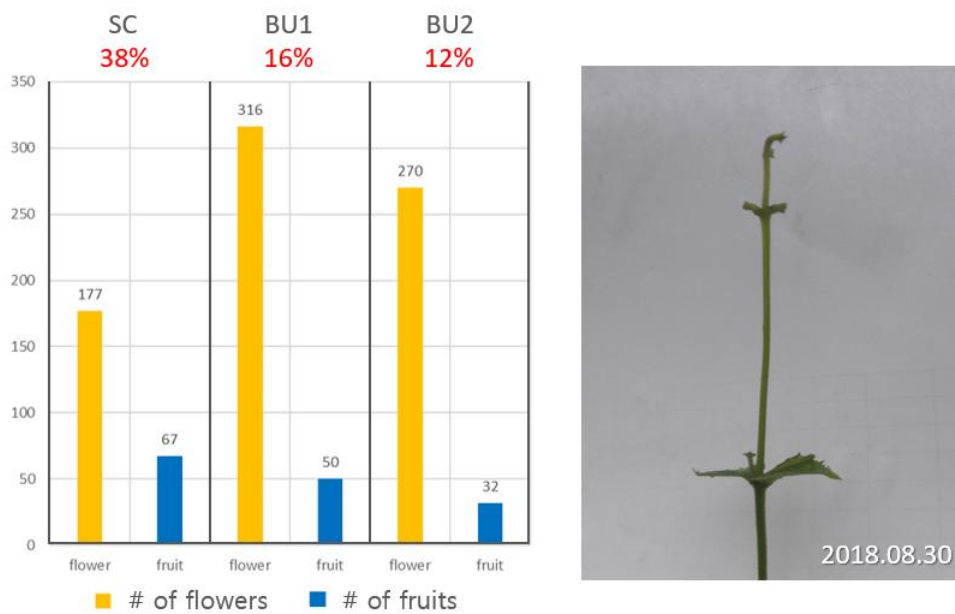
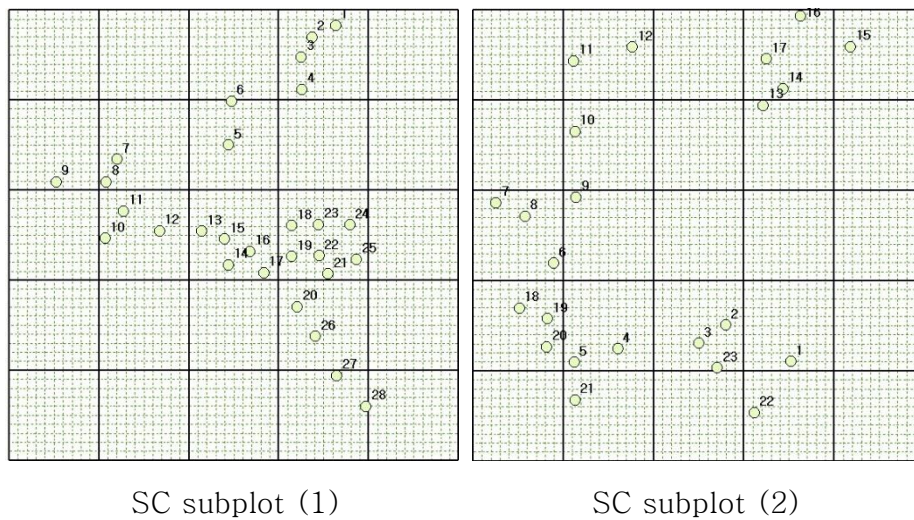
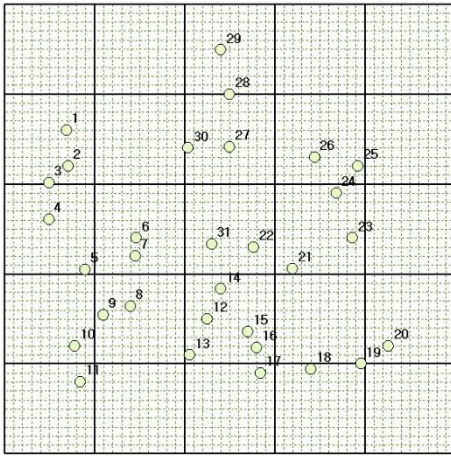
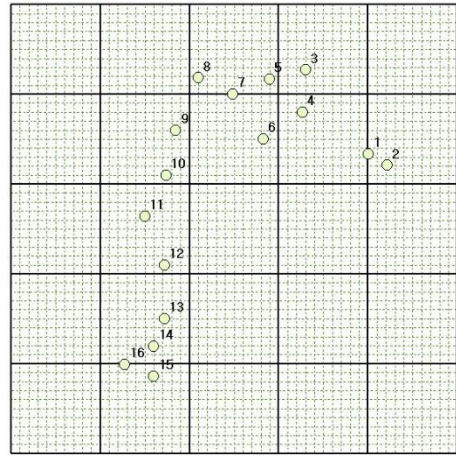


Figure 5. The number of flowers and fruits and fruiting rate.

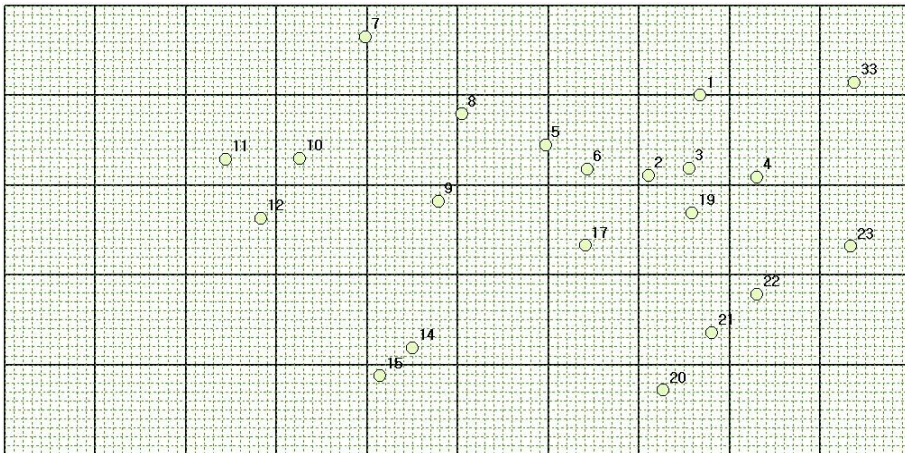




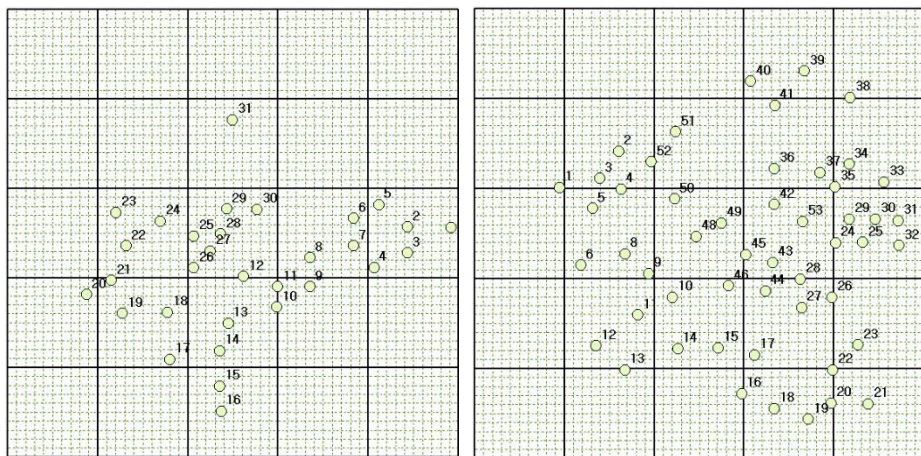
BU1 subplot (1)



BU1 subplot (2)



BU2 subplot



BU3 subplot (1)

BU3 subplot (2)

Figure 6. Subplot maps of *K. palmata*

개체 형태와 꽃의 유무에 따라 나도승마를 유식물, 미성숙개체, 성숙개체로 구분했을 때, 3년 동안의 집단별 개체군의 구조를 표현하였다(Figure 7).

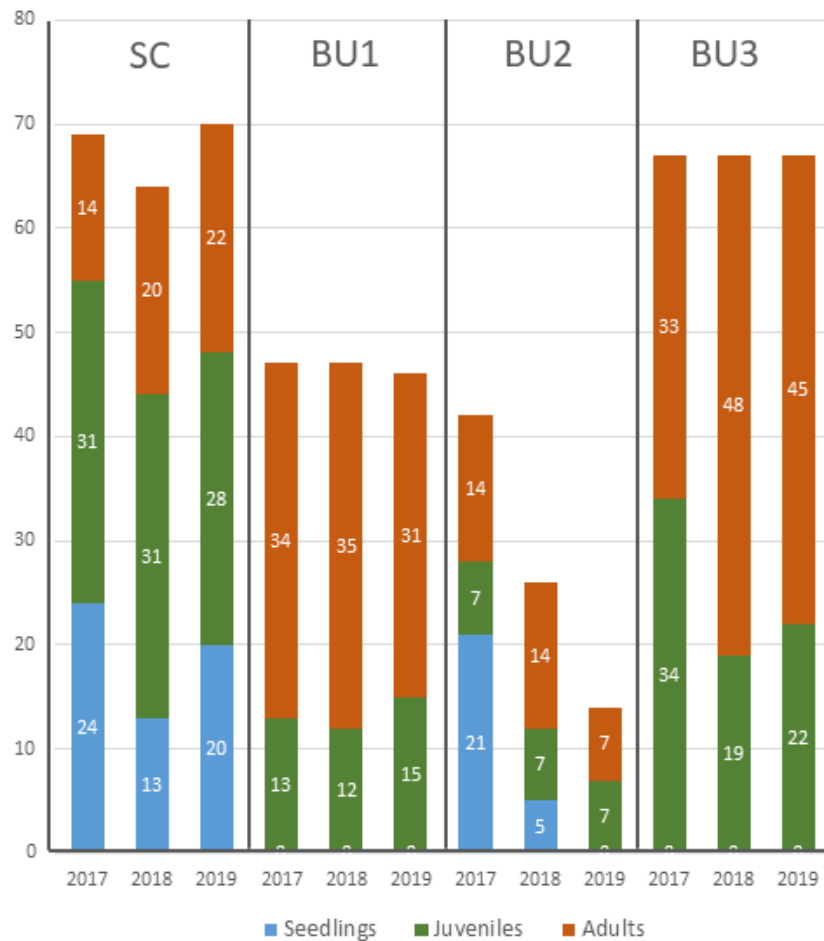


Figure 7. Population structure of *K. palmata*.

2.2. 투영행렬 작성 및 성장률 분석

2017-2018년도와 2018-2019년도에 네 지역에서 수집한

나도승마의 개체군통계자료를 이용하여 Lefkovitch 투영행렬을 작성하였다(Figure 8).

2017-2018					2018-2019				
SC		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult	
	Seedling	0	0	0.93	Seedling	0	0	1.15	
	Juvenile	0.25	0.77	0.07	Juvenile	0.08	0.77	0.15	
	Adult	0	0.23	0.93	Adult	0	0.16	0.85	
BU1		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult	
	Seedling	0	0	0	Seedling	0	0	0	
	Juvenile	0	0.77	0.06	Juvenile	0	0.67	0.20	
	Adult	0	0.23	0.94	Adult	0	0.25	0.80	
BU3		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult	
	Seedling	0	0	0.35	Seedling	0	0	0	
	Juvenile	0.05	0.57	0.07	Juvenile	0	0.43	0.27	
	Adult	0	0.29	0.86	Adult	0	0	0.47	
BU3		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult	
	Seedling	0	0	0	Seedling	0	0	0	
	Juvenile	0	0.71	0.04	Juvenile	0	0.89	0.06	
	Adult	0	0.29	0.96	Adult	0	0.11	0.94	

Figure 8. Lefkovitch projection matrices of 4 populations.

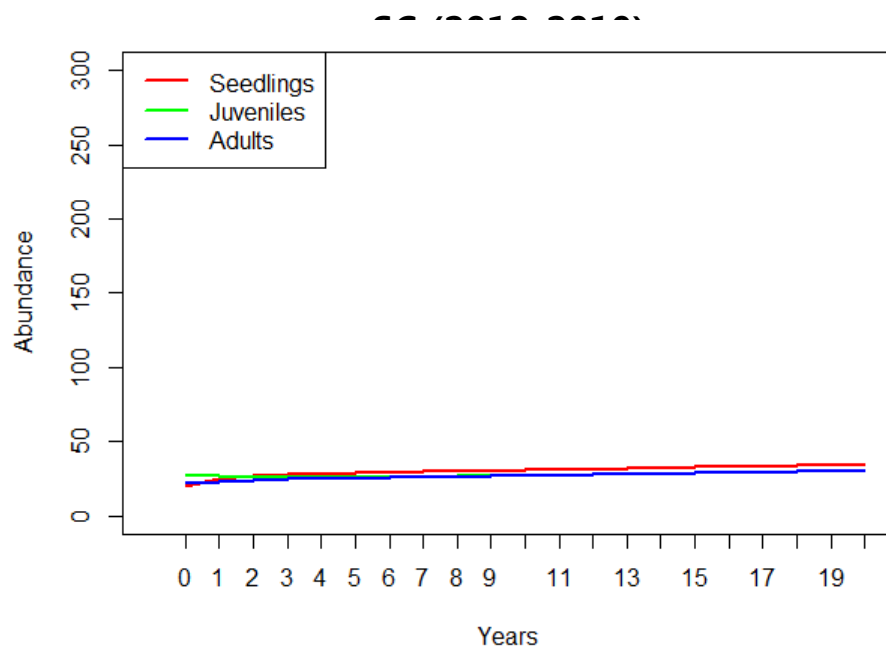
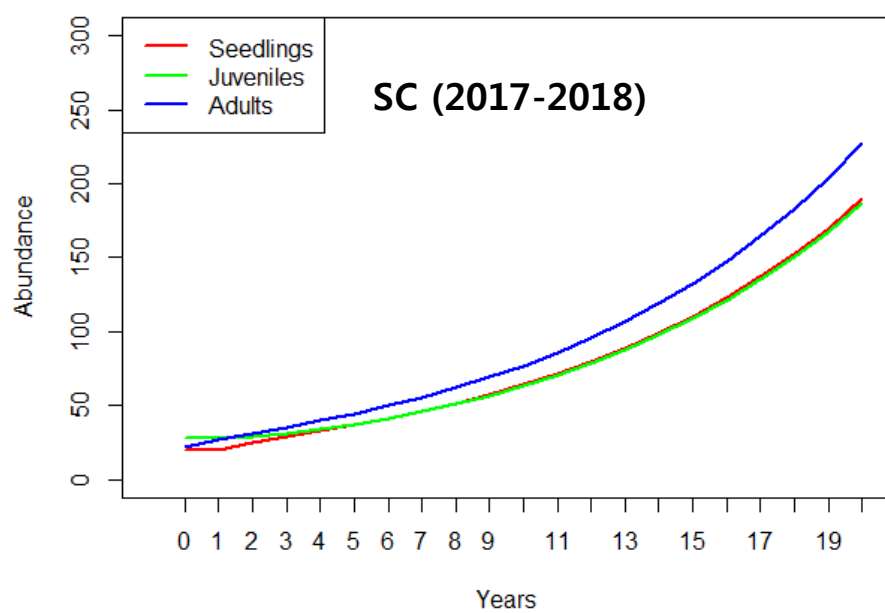
각 투영행렬로부터 고유값인 개체군 성장률을 계산하고, 이 고유값과 대응되는 개체군의 안정 단계 분포(Stable Stage Distribution,

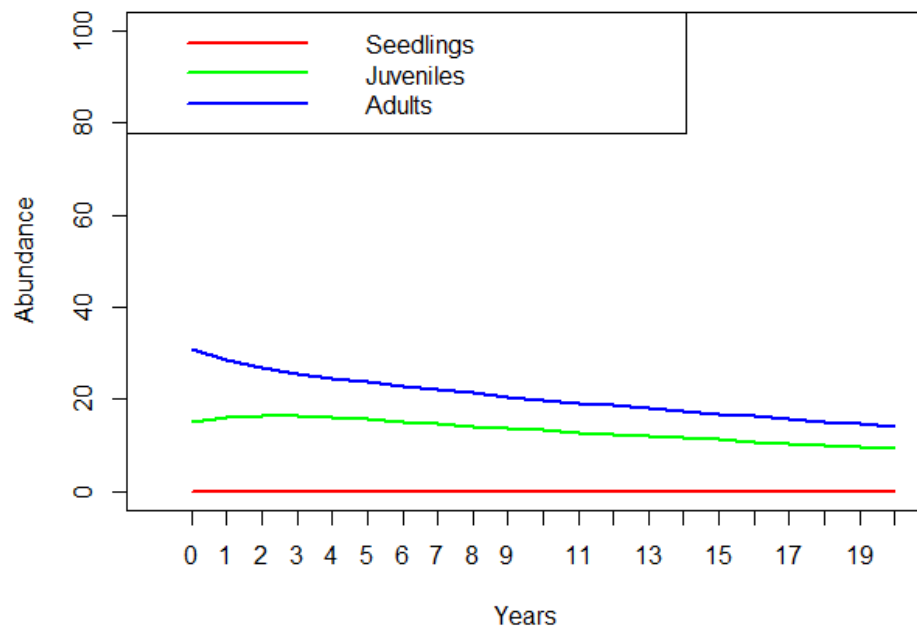
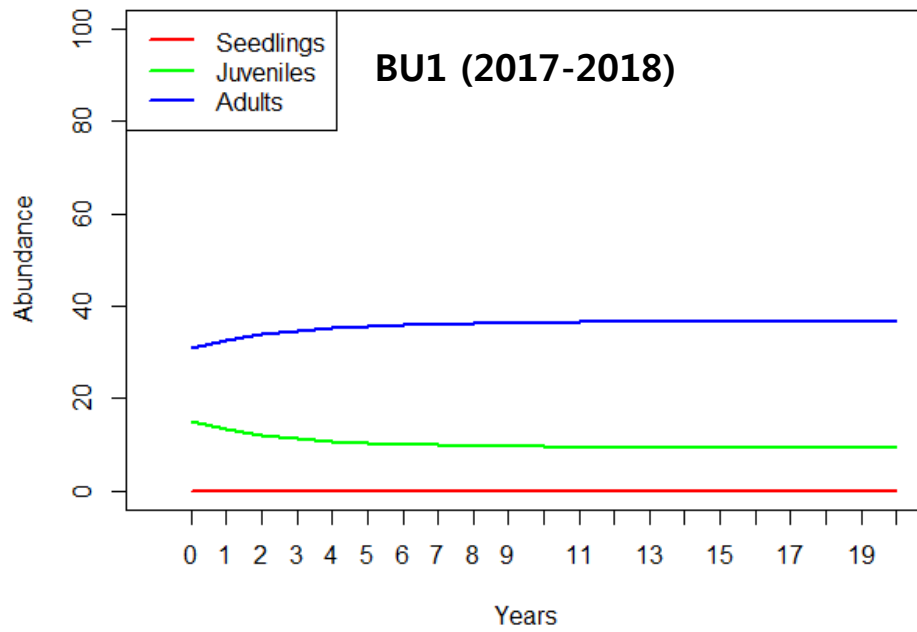
SSD)를 구하였다(Table 6). 그리고 두 개의 행렬에서 각 성분의 평균을 구하여 3년 동안의 변화를 종합한 평균 전이행렬에 대한 성장률 및 안정 단계 분포를 구하였다. 2017-2018년도와 2018-2019년도의 전이행렬 그리고 평균 전이행렬을 이용하여 각 집단의 초기개체수(2019)에 대한 20년 동안의 성장 곡선을 예측하였다(Figure 9). 평균 전이행렬 투영은 두 시기의 성장률이 거의 차이 나지 않는 BU1, BU3 집단을 제외하고 SC 집단과 BU2 집단의 모든 생활사 단계를 더한 총 풍부도로 표현하였다(Figure 10).

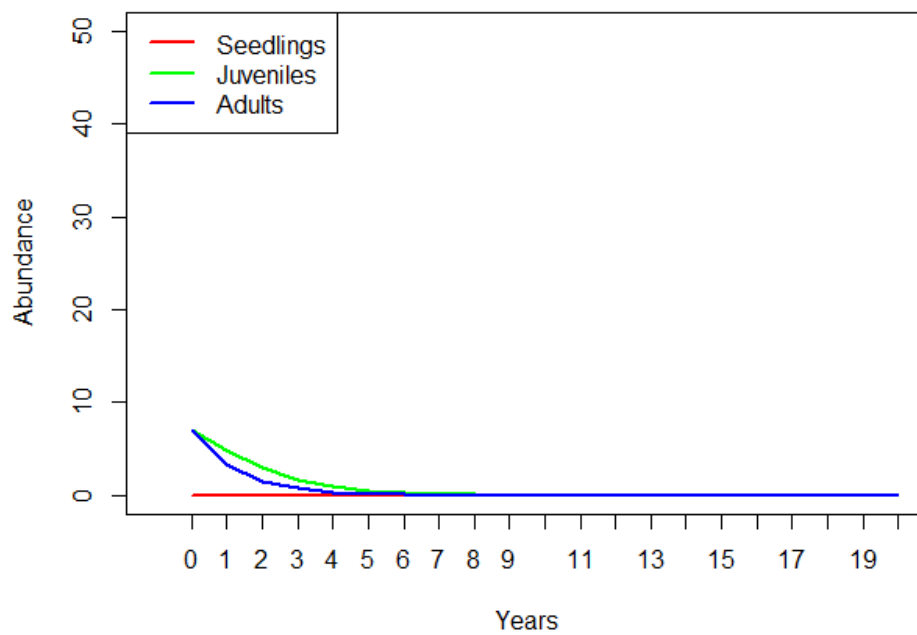
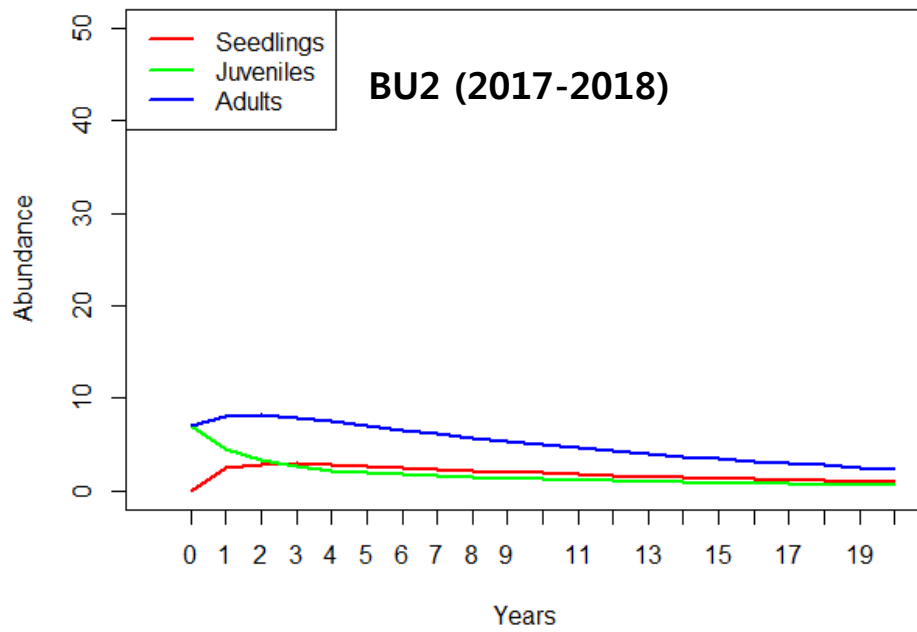
2017년부터 2019년까지 백운산의 세 개의 집단과 산청 집단의 투영 모델을 작성하여 성장률(λ)을 비교한 결과, 산청의 집단(SC)은 λ 가 1보다 커 개체군이 성장하고, 백운산 어치계곡의 집단은 감소하였으며, 백운산 정상 부근의 집단과 억불봉 부근의 집단은 λ 값이 거의 1에 가까워 안정적으로 유지되는 집단으로 나타났다.

Table 6. Population growth rate and stable stage distribution(SSD).

		SC		BU1		BU2		BU3	
Year		2017	2018	2017	2018	2017	2018	2017	2018
		—	—	—	—	—	—	—	—
		2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019
Grow rate (λ)		1.114	1.011	1.000	0.967	0.929	0.467	1.000	1.000
Mean matrix									
grow rate (λ)		1.067		0.986		0.758		1.000	
Stable Stage Distribution (%)	seedling	31.4	36.2	0	0	23.5	0	0	0
	juvenile	31.0	31.9	20.3	40.0	15.4	87.5	12.1	37.3
	adult	37.6	31.9	79.7	60.0	61.1	12.5	87.9	62.7







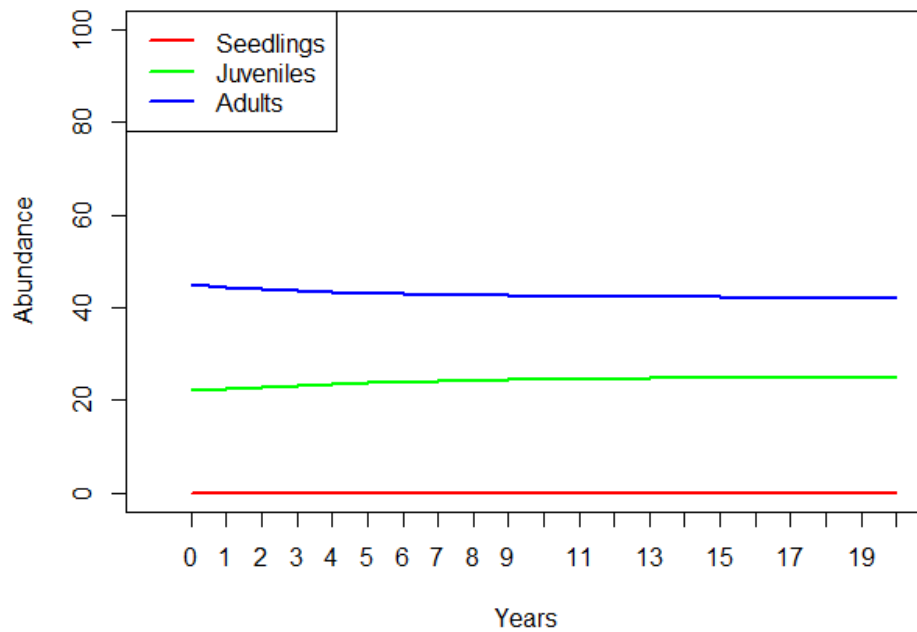
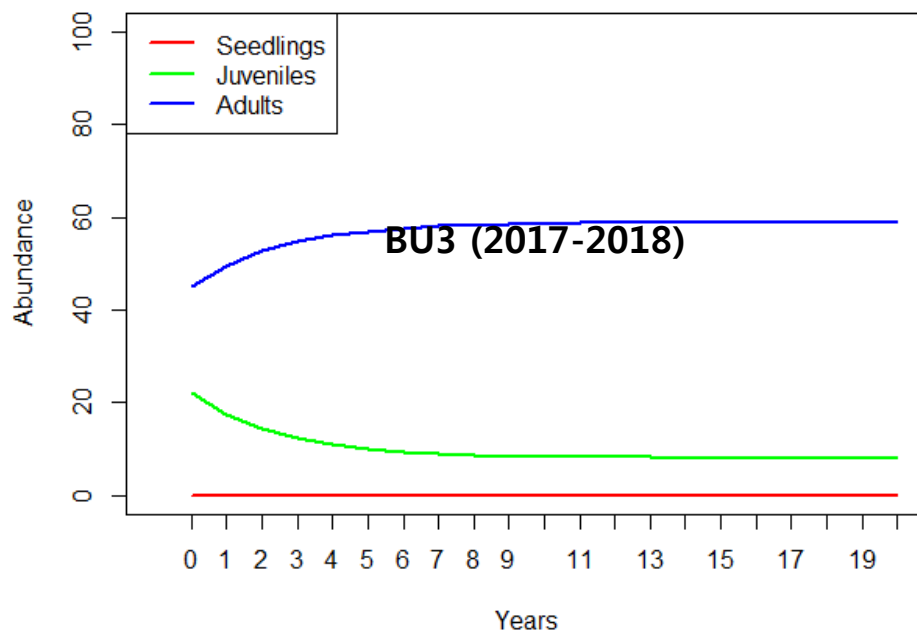


Figure 8. Projectons of population growth of *K. palmata* for 20 years.

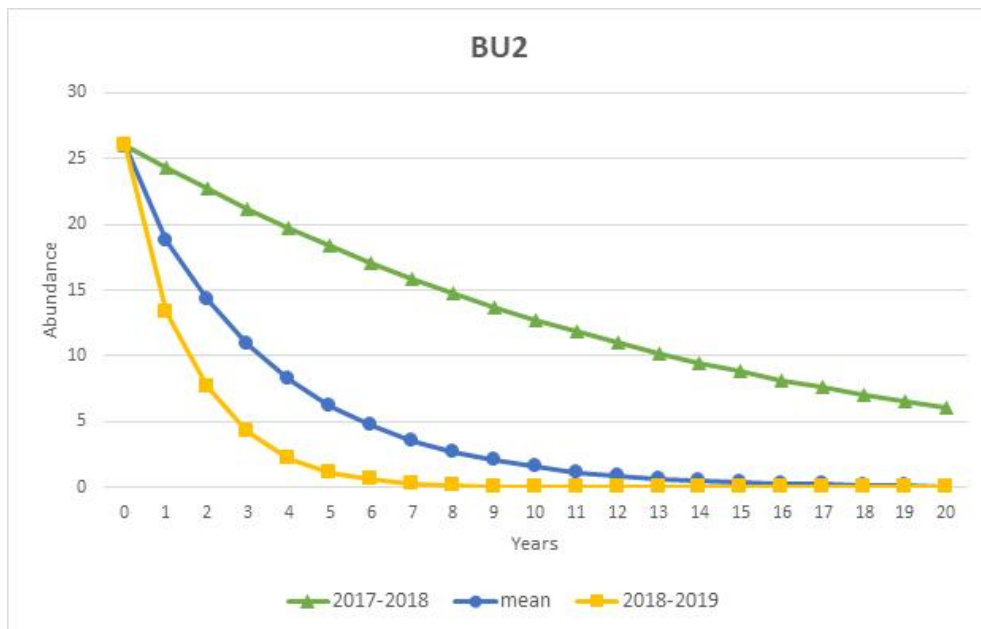
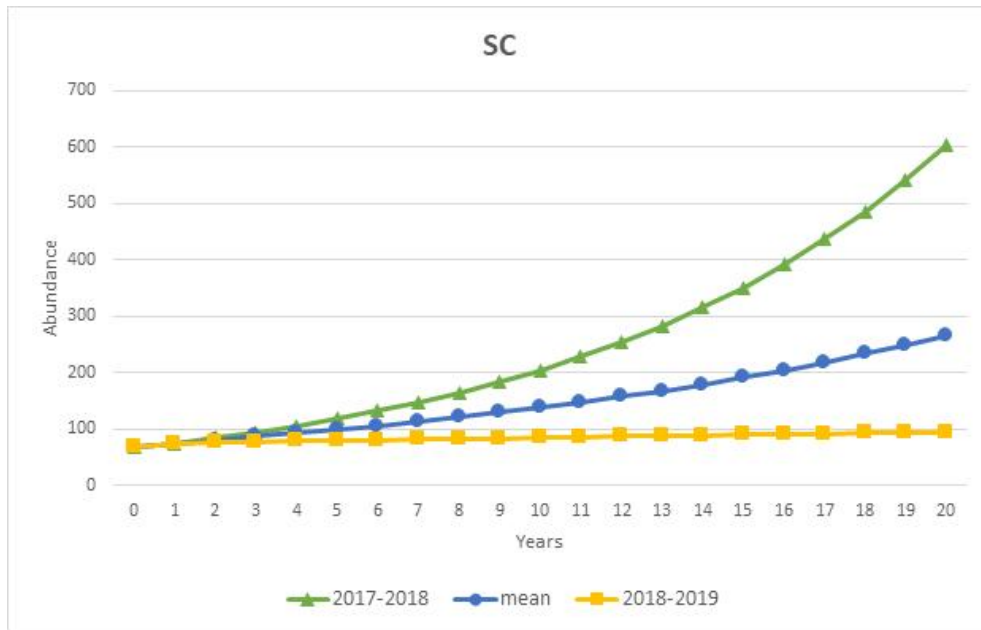


Figure 10. Projectons of population growth of *K. palmata* for 20 years based on 2017–2018(▲), 2018–2019(■), mean(●) matrix models.

2.3. 탄력성 분석

투영행렬에 대한 민감도와 탄력성 행렬을 작성하였다(Figure 11-12). 민감도는 성분의 크기에 영향을 받기 때문에 성장률에 대한 성분의 중요도에 대한 평가는 탄력성 분석 결과를 중심으로 해석하였다. 탄력성 분석 결과 가장 높은 값을 갖는 성분을 붉은색으로 표시하였는데, 네 조사대상지에서 모두 성숙개체의 유지가 개체군의 성장에 있어 가장 중요한 것으로 나타났다.

2017-2018				2018-2019				
SC		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult
	Seedling	0.074	0.073	0.89	Seedling	0.034	0.030	0.030
	Juvenile	0.331	0.327	0.397	Juvenile	0.444	0.391	0.391
	Adult	0.499	0.492	0.599	Adult	0.654	0.575	0.575
BU1		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult
	Seedling	0	0	0	Seedling	0	0	0
	Juvenile	0	0.203	0.797	Juvenile	0	0.357	0.536
	Adult	0	0.203	0.797	Adult	0	0.429	0.643
BU3		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult
	Seedling	0.013	0.008	0.034	Seedling	0	0	0
	Juvenile	0.253	0.165	0.657	Juvenile	0	0	0
	Adult	0.316	0.206	0.822	Adult	0	7	1
BU3		Seedling	Juvenile	Adult		Seedling	Juvenile	Adult
	Seedling	0	0	0	Seedling	0	0	0
	Juvenile	0	0.121	0.879	Juvenile	0	0.373	0.627
	Adult	0	0.121	0.879	Adult	0	0.373	0.627

Figure 11. Sensitivity matrices of 4 populations.

2017-2018				2018-2019				
SC	Seedling	Juvenile	Adult	Seedling	Juvenile	Adult		
	Seedling	0	0	0.074	Seedling	0	0	0.034
	Juvenile	0.074	0.227	0.025	Juvenile	0.034	0.300	0.058
	Adult	0	0.100	0.499	Adult	0	0.092	0.483
BU1	Seedling	Juvenile	Adult	Seedling	Juvenile	Adult		
	Seedling	0	0	0	Seedling	0	0	0
	Juvenile	0	0.156	0.047	Juvenile	0	0.238	0.107
	Adult	0	0.047	0.750	Adult	0	0.107	0.514
BU3	Seedling	Juvenile	Adult	Seedling	Juvenile	Adult		
	Seedling	0	0	0.013	Seedling	0	0	0
	Juvenile	0.013	0.101	0.051	Juvenile	0	0	0
	Adult	0	0.063	0.758	Adult	0	0	0.999
BU3	Seedling	Juvenile	Adult	Seedling	Juvenile	Adult		
	Seedling	0	0	0	Seedling	0	0	0
	Juvenile	0	0.086	0.035	Juvenile	0	0.333	0.039
	Adult	0	0.035	0.844	Adult	0	0.039	0.588

Figure 12. Elasticity matrices of Sancheong-gun(SC) and Mt. Baekun(BU1, BU2, BU3) populations in 2017–2018 and 2018–2019.

제 5 장 고 찰

본 연구를 통해 나도승마의 클론 구조는 주로 하나의 밀집된 줄기(clump)로 구성되는 것을 확인하였다. 50m²의 방형구에서 채집한 23개의 영양분체(ramet) 중 19개의 유전형이 발견되었으므로 나도승마의 클론 다양성은 지상부에서 확인되는 영양분체의 다양성만큼 높은 것을 알 수 있었다. 대부분의 채집 시료가 독립된 유전형이었으나 일부 반경 1m 이내에 있는 3개 또는 2개의 적은 수의 영양분체가 유전적으로 동일한 클론인 것이 밝혀졌다. 그러나 이를 제외하고 대부분의 개체에서 하나의 clump가 한 개의 유전형(클론)이다. 따라서 개체군활력도분석에 앞서 설정한 30cm내의 하나의 clump를 하나의 개체로 인식한 기준이 적절한 것을 알 수 있다.

클론 번식을 하는 식물에 대한 개체군통계적연구는 번식 기작의 불투명성 때문에 정확한 개체군활력도를 추정하는데 어려움이 있지만 본 연구에서 수행된 것과 같이 클론구조 분석을 통해 유전적으로 발생하는 멸종 요인들과 개체군동태적 요인을 복합적으로 고려할 수 있다. 클론 번식을 하는 식물의 경우 클론의 크기와 분포가 종의 생활사와 집단의 유지 및 발달에 직접적으로 영향을 미친다. 따라서 무성 생식이 개체군 통계연구에서 고려되지 않을 때 개체의 생존율과 세대의 길이가 편향될 수 있다(Fischer and Van Kleunen, 2001;Watkinson and Powell, 1993;Janovský et al, 2017;Lee, 2017). 정확한 멸종 위험성의 평가와 예측을 위해 멸종위기 식물의 번식 기작을 이해하고 이를 고려한 모델을 작성하는 것이 개체군의 효과적인 보전 전략 수립에 도움이 될 수 있다.

3년 동안 나도승마 자생지 현장 조사를 통해 개체군통계자료를 수집하여 분석한 투영행렬에서 집단별로, 시기별로 각각 다른 개체군 성장률(λ)을 보였다. 네 개의 집단 중 유일하게 산청군 웅석봉 집단(SC)이 성장률이 1.011~1.114로 약간 성장하는 개체군이었다. 산청 집단의 경우 집단이 분포하는 계곡 하단부에서 가장 어린 생활사 단계인 유식물(Seedling)이 2017년에는 24개체, 2018년에는 13개체, 2019년에는 20개체가 발견되었다. 비교적 성숙개체(Adult)의 밀도가 높은 소방형구 SC-(2) 하단 부분에서 종자 발아한 개체가 많은 것을 확인하였다. 그러나 유식물이 다음 해까지 살아남아 미성숙개체(Juvenile)로 성장하는 개체는 2017~2018년에는 24개체 중 6개체(25%), 2018~2019년에는 13개체 중 1개체(8%)가 확인되었다. 그리고 2018년에 유식물에서 다음 단계로 성장한 6개의 미성숙개체들은 2019년 조사에서는 4개체만 발견되었고, 2개체는 사망한 것으로 추정된다. 산청 웅석봉 집단의 성숙개체의 경우 소방형구 2개 내에서는 3년간의 현장 조사 기간동안 사망한 개체는 없었다. 따라서 개체군 활력도 분석에서 사망률에 영향을 준 것은 유식물과 줄기가 1개인 작은 크기의 미성숙개체의 사망이었다.

또한 조사 기간 중 나도승마 산청 집단에서 일부 개체가 완전히 뽑히거나 사라진 경우를 관찰할 수 있었다(Figure 13). 매년 전체 집단에서 1개체씩 발견하였으며 산청 집단은 등산로로부터 경사가 급한 계곡부를 180m 정도 걸어 내려와야 접근할 수 있기 때문에 등산객으로 인한 피해의 가능성은 적어 보였다. Cho et al.(2013)에서 언급된 것과 같이, 나도승마는 경사가 급한 계곡부의 바위 위 얇은 토양에서 자생하기 때문에 강우 시 토양이 유실되어 개체의 뿌리가

노출될 위험이 있다.



Figure 13. An individual whose root is exposed and died in Sancheong Population(Oct. 8, 2018).

백운산 어치계곡 집단(BU2)은 다른 집단의 분석 결과와 달리 2017~2018년도와 2018~2019년도 개체군활력도분석에서 모두 성장률이 감소하였다. 특히 두 번째 개체군활력도분석에서 낮은 감소율을 보인 이유는 2018년에는 미성숙개체와 성숙개체가 총 21개체 존재하였으나, 2019년도 6월 현장 조사에서 그 중 9개체의 지상부가 쓰러지거나 사라졌기 때문이다(Figure. 14). 지상부가 손상되거나 토양 유실로 인해 개체가 이동하는 경우에도 뿌리가 살아있으면 다음 해에 다시 줄기가 올라올 수 있으나 해당 년도에는 꽃의 유무와 개체의 정확한 생존 여부를 알 수 없기 때문에 이 개체들은 모두 사망한 것으로 취급하였다. 또한 개체를 표시한

플래그와 라벨 모두 유실되어 앞으로 해당 개체들에 대한 개체 추적은 불가능할 것으로 보인다. 2019년 5월 1차 현장조사에서는 모든 개체들이 살아있었기 때문에 2개월 동안 사고 또는 훼손으로 인해 해당 개체들이 사망한 것으로 추정된다. 개체들이 사망한 위치를 중심으로 흙이 거의 물에 잠겨있었기 때문에 홍수로 인한 피해로 추정되지만, 현장조사에서 정확한 이유는 알 수 없었다.



Figure 14. Death of individuals due to soil erosion in BU2 population(June 24, 2019).

백운산의 억불봉 부근 참샘이골 집단(BU1)은 2017~2018년 동안은 사망하거나 종자로 유입된 개체가 발견되지 않아 개체군활력도분석 결과 성장률이 1이며 개체군이 앞으로 그대로 유지될 것으로 추정되었다. 그러나 2018~2019년 조사 결과

미성숙개체 12개체 중 1개체가 사망하여 성장률이 1보다 조금 낮았다.

그리고 백운산의 정상 집단(BU2)는 BU1과 동일하게 종자에서 유입되는 새로운 유식물이 관찰되지 않았고 사망 또한 발견되지 않았다. 정상집단은 다른 세 곳의 집단에 비해 고도는 높으나 경사가 심하지 않은 능선 부근에 있어 홍수로 인한 토양 유실의 위험이 적을 것으로 추정된다. 야생동물의 플래그 파손 등은 관찰되었으나 식물체가 크게 사망, 훼손되지 않았다.

비교적 안정적인 두 지역(BU1, BU3)은 작성된 투영행렬에서 개체군이 증가 또는 감소하지 않고 그대로 지속되는 것으로 계산되었으나, 실제로 유묘(seedling) 단계의 개체가 발견되지 않는 매우 불안정한 집단이다. 이와 같은 상황이 지속되어 유묘의 도입이 매우 드물게 일어나고 다음 단계의 개체들이 수명을 다하거나 환경적 재해로 감소하게 되면 개체군은 서서히 절멸하게 될 수 있다. 또한 나도승마의 일부 집단은 파편화된 개체들의 패치로 유지되고 있다. 종자를 통한 유묘의 도입이 장기간 일어나지 않을 경우 집단의 유전다양성 유지, 새로운 서식지로의 확산, 축소된 집단의 회복 등에 문제를 일으킬 수 있으며 그 결과 집단의 생존을 위태롭게 할 수 있다. 다른 클론식물의 연구에서도 클론번식이 매우 우세한 집단이라도 종자번식이 전혀 이루어지지 않을 때 장기적인 관점에서 집단이 유지되기 어렵다고 보고되기도 하였다(Sayers and Ward, 1966; Watkinson and Powell, 1993; Weppeler et al., 2006).

Choi(2002)의 나도승마의 유전다양성과 번식에 대한 연구 결과 동위효소 분석에서 한 개체군의 개체수가 20~60개의 파편화된 개체군에서는 1~3개의 유전형의 빈도가 매우 높게 나타났다. 그리고 이 지역에서는 유전다양성이 높은 개체군과 비교하였을 때, 매우 적은 수의 화아가 형성되며 종자에서 발아한 개체의 생존력이 매우 낮다고

보고하였다. 유전다양성이 낮은 개체군과 비교적 높은 개체군을 비교하였을 때, 종자 발아율은 각각 11%, 12%로 유사하였지만 유전다양성이 낮은 개체군에서의 발아한 개체는 대부분 바로 사망하는 것으로 확인되었다. 본 연구에서 역시 일부 집단에서 종자에서 발아한 어린 유식물이 발견되지 않았기 때문에 이 현상이 유전적 다양성의 감소로 인한 근교 약세 현상인지 확인할 필요가 있다.

탄력성분석 결과 모든 집단에서 성숙개체에서 성숙개체로 변화하는 비율, 즉 성숙개체의 유지비율이 성장률에 가장 큰 영향을 미치는 것으로 나타났다. 이는 Buckley et al.(2010)가 49종의 197개의 집단에 대한 총 736개의 행렬에 대하여 요인 분석을 한 결과와 동일한 결과이다. 이 연구에서는 1) 유묘 이후 단계의 생존율, 2) 다음 생활사 단계로의 성장, 3) 낮은 생활사 단계로의 역행, 4) 생산된 종자 또는 유묘의 수의 네 가지 요인의 표준 편차를 계산하였다. 분석 결과 집단 크기 증가율은 공간에 따른 분산보다 시간에 따른 분산이 더 크며, 이 시간적 변화는 대부분 유묘 이후 단계의 생존율 변화에 기인한다. 또한 일부 종에서는 화재와 초식 피해 등의 환경 요인에 대한 반응으로 나타났다.

멸종위기 식물에 대해 이러한 전반적인 개체군 구조에 대한 이해는 성공적인 보전 전략으로 이어질 수 있다. 보전 방법은 크게 자연 자생지를 보전하는 현지 내 보전(in situ conservation)과 자생지 외의 지역에서 개체를 생산, 유지하는 현지 외 보전(ex situ conservation)으로 구분할 수 있다. 개체군동태연구는 기존 개체군을 증가시키기 위해 얼마나 많은 개체들을 보충할 것인지(South et al., 2000) 또는 수확량 제한을 어떻게 설정할 것인지(Endress et al., 2006; Ticktin, 2004)와 같은 정량적 보전 의사 결정에 이용되어왔다. 또는 보전의 성공 여부를 판단하는 기준이 되기도 하는데, 미국의

복구 계획(Recovery plan)에서 집단이 완전히 회복된 것으로 간주하기 위해 안정적인 최소 개체수의 기준을 제시하고 있다. 그러나 국내에서는 멸종위기 식물에 대한 장기적인 모니터링 자료 수집, 특히 개체군통계적 연구가 매우 부족하였다. 보전 대상종의 특수한 유전, 생태적 특성을 기반으로 하는 모니터링은 멸종위기식물에 대한 체계적 관리와 국제적인 기준의 적용, 보전 목표 설정에 도움이 될 수 있다.

그러나 개체군활력도분석은 정확한 개체군 증감 추이를 추정하기 위해 최소 5년 동안의 개체군통계자료를 기반으로 한다(Elzinga et al., 1998). 따라서 3년동안 수집한 데이터로 보전 관리를 결정하는 것은 집단의 장기간의 개체수 증감 과정에서 단기간의 변동에 대한 결과일 수 있다. 따라서 지속적으로 나도승마 개체의 생활사 변화를 관찰, 수집할 필요가 있으며, 여러 개체군에 대해 클론구조 분석과 비교를 통해 개체군의 유전 다양성과 개화 결실 및 유묘 활착, 클론 번식 형태 사이의 관련성에 대한 실험과 조사가 필요하다. 또한, 추후 중국과 일본의 나도승마 집단에 대한 연구를 통해 국제적인 보전 전략을 설계할 필요가 있다.

인용 문헌

- Aravanopoulos, F. A. 2011. Genetic monitoring in natural perennial plant populations. *Botany* 89(2):75–81.
- Arnaud-Haond, S., Alberto, F., Teixeira, S., Procaccini, G., Serrao, E. A., and Duarte, C. M. 2005. Assessing genetic diversity in clonal organisms: Low diversity or low resolution? Combining power and cost efficiency in selecting markers. *Journal of Heredity*, 96(4):434–440.
- Avise, J. C. 2004. *Molecular markers, natural history, and evolution* (2nd ed.). Massachusetts: Sinauer Associates.
- Bakker, V. J. and Doak, D. F. 2009. Population viability management: ecological standards to guide adaptive management for rare species. *Frontiers in Ecology and the Environment* 7(3):158–165
- Brook, B. W., O' Grady, J. J., Chapman, A. P., Burgman, M. A., Akçakaya, H. R., and Frankham, R. 2000. Predictive accuracy of population viability analysis in conservation biology. *Nature* 404(6776):385–387.
- Brown, A. H. D. and Briggs, J. D. 1991. Sampling Strategies for Genetic Variation in Ex Situ Collections of Endangered Plant Species. pp. 99–119. In : Falk, D. A. and Holsinger, K. E. (Eds.). *Genetics and Conservation of Rare Plants*. Oxford University Press. New York, U.S.A.
- Buckley, Y. M., Ramula, S., Blomberg, S. P., Burns, J. H., Crone, E. E., Ehrlén, J., Knight, T. M., Pichancourt, J. B., Quested, H., and Wardle,

- G. M. 2010. Causes and consequences of variation in plant population growth rate: a synthesis of matrix population models in a phylogenetic context. *Ecology Letters* 13(9):1182–1197.
- Burke, J. M., Bulger, M. R., Wesselingh, R. A., and Arnold, M. L. 2000. Frequency and spatial patterning of clonal reproduction in Louisiana iris hybrid populations. *Evolution* 54(1):137–144
- Byers, D. L. and Meagher, T. R. 1997. A Comparison of Demographic Characteristics in a Rare and a Common Species of *Eupatorium*. *Ecological Applications* 7(2):519–530.
- Caswell, H. 1989. Analysis of life table response experiments I. Decomposition of effects on population growth rate. *Ecological Modelling*, 46(3–4):221–237.
- Caswell, H. 2001. *Matrix Population Models : construction, analysis, and interpretation*. 2nd Ed. Sinauer Associates. Massachusetts, U.S.A. pp. 72–79.
- Chang, C. S., Choi, D. Y., Kim, H., Kim, Y. S., and Park, T. Y. 2007. Genetic diversity and mating system of the threatened plant *Kirengeshoma palmata* (Saxifragaceae) in Korea. *Journal of Plant Research* 120(1):149–156.
- Chang, C. S., Lee, H. S., Park, T. Y., and Kim, H. 2005. Reconsideration of rare and endangered plant species in Korea based on the IUCN Red List Categories. *The Korean Journal of Ecology* 28(5):305–320.
- Charpentier, A. 2001. Consequences of clonal growth for plant mating. *Evolutionary Ecology* 15(4–6):521–530.
- Cho, S. H., Kim, D. W., Kang, A. H., Jeong, Y. H., Lee, S. J., and Kim, J. S.

2013. The Environmental Characteristics and Vegetation Structures of *Kirengeshoma koreana* Habitats. Journal of Korean Forest Society 102(3):446–454.
- Cho, Y. C., Kim, H. G., Koo, B. Y., and Shin, J. K. 2019. Dynamics and viability analysis of transplanted and natural lady's slipper (*Cypripedium japonicum*) populations under habitat management in South Korea. Restoration Ecology 27(1):23–30.
- Choi, D. Y. 2002. Conservation strategy based on genetic structure and mating system of rare plants, *Kirengeshoma koreana* Nakai and *Megaleranthis saniculifolia* Ohwi. MS thesis. Seoul National University, Seoul. (in Korean)
- Chung, J. M., Lee, B. C., Kim, J. S., Park, C. W., Chung, M. Y., and Chung, M. G. 2006. Fine-scale genetic structure among genetic individuals of the clone-forming monotypic genus *Echinosophora koreensis* (Fabaceae). Annals of Botany 98(1):165–173.
- Chung, M. Y., Moon, M. O., López-Pujol, J., Chung, J. M., and Chung, M. G. 2013. Genetic diversity in the two endangered endemic species *Kirengeshoma koreana* (Hydrangeaceae) and *Parasenecio pseudotaimingasa* (Asteraceae) from Korea: Insights into population history and implications for conservation. Biochemical Systematics and Ecology 51:60–69.
- Chung, M. Y., Nason, J. D., and Chung, M. G. 2004. Implications of clonal structure for effective population size and genetic drift in a rare terrestrial orchid, *Cremastra appendiculata*. Conservation Biology 18(6):1515–1524.
- Crone, E. E., Menges, E. S., Ellis, M. M., Bell, T., Bierzychudek, P.,

- Ehrlén, J., Kaye, T. N., Knight, T. M., Lesica, P., Morris, W. F., Oostermeijer, G., Quintana–Ascencio, P. F., Stanley, A., Ticktin, T., Valverde, T., and Williams, J. L. 2011. How do plant ecologists use matrix population models? *Ecology Letters* 14(1):1–8.
- de Kroon, H., van Groenendael, J., and Ehrlén, J. 2000. Elasticities: A review of methods and model limitations. *Ecology* 81(3):607–618.
- de Kroon, H., Plaisier, A., van Groenendael, J., and Caswell, H. 1986. Elasticity: The Relative Contribution of Demographic Parameters to Population Growth Rate. *Ecology* 67(5):1427–1431.
- Edwards, J. 1984. Spatial Pattern and Clone Structure of the Perennial Herb, *Aralia nudicaulis* L. (Araliaceae). *Bulletin of the Torrey Botanical Club* 111(1):28.
- Elzinga, C. L., Salzer, D. W., and Willoughby, J. W. 1998. Measuring and monitoring plant populations. Bureau of Land Management. Denver, CO. BLM Technical Reference 1730–1. pp. 273–291.
- Endress, B. A., Gorchov, D. L., and Berry, E. J. 2006. Sustainability of a non–timber forest product: Effects of alternative leaf harvest practices over 6 years on yield and demography of the palm *Chamaedorea radicalis*. *Forest Ecology and Management* 234(1–3):181–191.
- Escudero, A., Iriondo, J. M., and Torres, M. E. 2003. Spatial analysis of genetic diversity as a tool for plant conservation. *Biological Conservation* 113(3):351–365.
- Fischer, M. and van Kleunen, M. 2001. On the evolution of clonal plant life histories. *Evolutionary Ecology* 15(4–6):565–582.

- Fu, L. G. 1992. Chinese plant red book. Beijing: Science.
- García, M. B., Goñi, D., and Guzmán, D. 2010. Living at the edge: local versus positional factors in the long-term population dynamics of an endangered orchid. *Conservation Biology* 24(5):1219–1229.
- Han, H., Cho, S. H., Song, J. E., Seol, A. R., Chung, H. J., Kim, J. S., and Chung, J. S. 2014. Assessing the potential suitability of forest stands as *Kirengeshoma koreana* habitat using MaxEnt. *Landscape and Ecological Engineering* 10(2):339–348.
- Harper, J. L. 1977. *The Population Biology of Plants*. Academic Press. London, UK.
- Heppell, S. S., Caswell, H., and Crowder, L. B. 2000. Life histories and elasticity patterns: perturbation analysis for species with minimal demographic data. *Ecology* 81(3):654–665.
- Hong, K. N. and Lee, J. W. 2015. Fine-scale spatial genetic and clonal structure of *Eleutherococcus senticosus* populations in South Korea. *Forest Science and Technology* 11(3):160–165.
- Hwang, H. S., Jeong, S. S., Oh, S. H., Yang, J. C., Jang, K. S., Jang J. W., Jeong, S. Y., and Byeon, J. K. 2013. Flora of Mt. Ungseok-bong at Sancheong-gun, Gyeongsangnam-do, Korea. *The Conference of Korean Institute of Forest Recreation* 2013(4):445–447.
- IUCN. 2019. The IUCN red list of threatened species. Version 2019–2. <https://www.iucnredlist.org>. (2019.07.20).
- IUCN Standards and Petitions Subcommittee. 2017. Guidelines for Using the IUCN Red List Categories and Criteria. Version 13.
- Janovský, Z., Herben, T., and Klimešová, J. 2017. Accounting for

- clonality in comparative plant demography – growth or reproduction?
Folia Geobotanica 52(3-4):433-442.
- Kang, S. H., Kim, G. R., Kim, J. K., Park, S. H., Lee, W. K., and Lee, J. K.
2007. The ecology of *Kirengeshoma koreana* Nakai (Saxifragaceae),
a rare species in Korea. *Korean Journal of Plant Resources*
20(1):1-6.
- Kim, Y. C., Chae, H. H., Hong, B. R., Oh, H. K., Lee, K. H., and Lee, K. S.
2016. The status of endangered plants distributed in the middle
eastern area of Korea and evaluation of the risk factors. *Korean*
Journal of Environment and Ecology 30(3):291-307.
- Korea National Arboretum. 2008. Rare Plants Data Book in Korea. Korea
National Arboretum. Pocheon, Korea. (in Korean)
- Lande, R. 1998. Anthropogenic, ecological and genetic factors in
extinction and conservation. *Researches on Population Ecology*
40(3):259-269.
- Lee, H. J. 2017. Seed germination and clonal structure in the endangered
species of *Thuja koraiensis* Nakai (MS thesis). Seoul. Seoul
National University. (in Korean)
- Lee, T. B. 1980. Illustrated Flora of Korea. Hyang-mun Pub. Co., Seoul,
Korea. (in Korean)
- Lefkovitch, L. P. 1965. The study of population growth in organisms
grouped by stages. *Biometrics* 21(1):1-18.
- Linhart, Y. B., Mitton, J. B., Sturgeon, K. B., and Davis, M. L. 1981.
Genetic variation in space and time in a population of ponderosa pine.
Heredity 46(3):407-426.

- Lim, D. O., Choung, H. L., Kim, J. H., Hwang, I. C., Kim, C. H., and Lee, H. W. 2005. Conservation of an endangered *Corylopsis coreana* Uyeki in and ex situ and development of cooperative model within local community II. Dynamics and distribution characteristics of the *Corylopsis coreana* population at Cheongsogol, Sunchon, Cholanam-do, Korea. Korean Journal of Environment and Ecology 19(3):269–278.
- National Institute of Biological Resources (NIBR). 2012. Red Data Book of Endangered Vascular Plants in Korea. National Institute of Biological Resources (NIBR). Incheon, Korea. (in Korean)
- Marcante, S., Winkler, E., and Erschbamer, B. 2009. Population dynamics along a primary succession gradient: do alpine species fit into demographic succession theory? Annals of Botany 103(7):1129–1143.
- Maughan, P. J., Maroof, M. A. S., and Buss, G. R. 1995. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean. Genome 38(4):715–723.
- Meffe, G. K., and Carroll, C. R. 1997. Principles of Conservation Biology. 2nd Ed. Sinauer Associates. Sunderland, Mass, U.S.A. pp. 217–218.
- Menges, E. S. 2000. Population viability analyses in plants: Challenges and opportunities. Trends in Ecology and Evolution 15(2):51–56.
- Ministry of Environment (ME). 2005. The law of preservation of wild life—endangered of wild life I, II. (in Korean)
- Morgante, M. and Olivieri, A. M. 1993. PCR–amplified microsatellites as markers in plant genetics. The Plant Journal 3(1):175–182.
- Ohwi, J. 1984. Flora of Japan. Smithsonian Institute. Washington, D.C.,

U.S.A.

- Oostermeijer, J. G. B., Brugman, M. L., de Boer, E. R., and den Nijs, H. C. M. 1996. Temporal and spatial variation in the demography of *Gentiana pneumonanthe*, a rare perennial herb. *The Journal of Ecology* 84(2):153.
- Oostermeijer, J. G. B., Luijten, S. H., and den Nijs, J. C. M. 2003. Integrating demographic and genetic approaches in plant conservation. *Biological Conservation* 113(3):389–398.
- Park, S. K. 2014. A demographic study of a rare and endemic forest herb, *Hanabusaya asiatica* Nakai based on transition matrices (MS thesis). Seoul. Seoul National University. (in Korean)
- Pfab, M. F. and Witkowski, E. T. F. 2000. A simple population viability analysis of the Critically Endangered *Euphorbia clivicola* R.A. Dyer under four management scenarios. *Biological Conservation* 96(3):263–270.
- Pi, J. H., Park, J. G., Jung, J. Y., Park, J. S., Suh, G. U., and Son, S. W. 2016. Habitats environmental and population characteristics of *Iris koreana* Nakai, a rare and endemic species in Korea. *Korean Journal of Ecology and Environment* 49(2):102–109.
- Qiu, Y. X., Sun, Y., Zhang, X. P., Lee, J. K., Fu, C. X., and Comes, H. P. 2009. Molecular phylogeography of East Asian *Kirengeshoma* (Hydrangeaceae) in relation to Quaternary climate change and landbridge configurations. *New Phytologist* 183(2):480–495.
- Rossetto, M., Gross, C. L., Jones, R., and Hunter, J. 2004. The impact of clonality on an endangered tree (*Elaeocarpus williamsianus*) in a fragmented rainforest. *Biological Conservation* 117(1):33–39.

- Sayers, R. L. and Ward, R. T. 1966. Germination responses in alpine species. *Botanical Gazette* 127(1):11–16.
- Shaffer, M. L. 1981. Minimum Population Sizes for Species Conservation. *BioScience* 31(2):131–134.
- Shea, K. and Kelly, D. 1998. Estimating biocontrol agent impact with matrix models: *Carduus nutans* in New Zealand. *Ecological Applications* 8(3):824–832.
- Silander, J. A. 1979. Microevolution and clone structure in *Spartina patens*. *Science* 203(4381):658–660.
- Silvertown, J., Franco, M., Pisanty, I., and Mendoza, A. 1993. Comparative plant demography—relative importance of life-cycle components to the finite rate of increase in woody and herbaceous perennials. *The Journal of Ecology* 81(3):465–476.
- Sipes, S. D. and Tepedino, V. J. 1995. Reproductive biology of the rare orchid, *Spiranthes diluvialis*: breeding system, pollination, and implications for conservation. *Conservation Biology* 9(4):929–938.
- Solbrig, O. T., Newell, S. J., and Kincaid, D. T. 1980. The population biology of the genus *Viola*: I. The demography of *Viola Sororia*. *The Journal of Ecology* 68(2):521–546.
- Soulé, M. E. and Simberloff, D. 1986. What do genetics and ecology tell us about the design of nature reserves? *Biological Conservation* 35(1):19–40.
- Stenberg, P., Lundmark, M., and Saura, A. 2003. MLGsim: A program for detecting clones using a simulation approach. *Molecular Ecology Notes* 3(2):329–331.

- Sun, Y., Fu, C. X., and Qiu, Y. X. 2010. Development, characterization, and transferability of microsatellite markers for *Kirengeshoma palmata* (Hydrangeaceae). *American Journal of Botany* 97(6):e48–e51.
- Suzuki, J. I., Herben, T., Krahulec, F., and Hara, T. 1999. Size and spatial pattern of *Festuca rubra* genets in a mountain grassland: its relevance to genet establishment and dynamics. *Journal of Ecology* 87(6):942–954.
- Sydes, M. A. and Peakall, R. 1998. Extensive clonality in the endangered shrub *Haloragodendron lucasii* (Haloragaceae) revealed by allozymes and RAPDs. *Molecular Ecology* 7(1):87–93.
- Tokushima Committee for Endangered Species Conservation. 2010. Conservation and Management Manual for Endangered Species Conservation in Tokushima. Tokushima city museum. Tokushima, Japan. (in Japanese)
- Torimaru, T. and Tomaru, N. 2005. Fine-scale clonal structure and diversity within patches of a clone-forming dioecious shrub, *Ilex leucoclada* (Aquifoliaceae). *Annals of Botany* 95(2):295–304.
- Ticktin, T. 2004. The ecological implications of harvesting non-timber forest products. *Journal of Applied Ecology* 41(1):11–21.
- Watkinson, A. R. and Powell, J. C. 1993. Seedling recruitment and the maintenance of clonal diversity in plant populations—a computer simulation of *Ranunculus repens*. *The Journal of Ecology* 81(4):707–717.
- Weppler, T., Stoll, P., and Stöcklin, J. 2006. The relative importance of sexual and clonal reproduction for population growth in the long-

- lived alpine plant *Geum reptans*. *Journal of Ecology* 94(4):869–879.
- Whitford, P. B. 1949. Distribution of woodland plants in relation to succession and clonal growth. *Ecology* 30(2):199–208.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19(3):395.
- Xie, Z. W., Lu, Y. Q., Ge, S., Hong, D. Y., and Li, F. Z. 2001. Clonality in wild rice (*Oryza rufipogon*, Poaceae) and its implications for conservation management. *American Journal of Botany* 88(6):1058–1064.
- Yamashiro, K. 2008. Genetic diversity and speciation of *Kirengeshoma palmata* (Saxifragaceae). *Awa Society Bulletin* (阿波学会研究紀要) 54: 45–48. (in Japanese)
- Yuan, N., Sun, Y., Comes, H. P., Fu, C. X., and Qiu, Y. X. 2014. Understanding population structure and historical demography in a conservation context: Population genetics of the endangered *Kirengeshoma palmata* (Hydrangeaceae). *American Journal of Botany* 101(3):521–529.
- Zhang, X. P., Li, X. H., and Qiu, Y. X. 2006. Genetic diversity of the endangered species *Kirengeshoma palmata* (Saxifragaceae) in China. *Biochemical Systematics and Ecology* 34(1):38–47.

Abstract

A conservation study of *Kirengeshoma palmata* Yatabe in Korea using population viability analysis

Shin Young Kwon

Forest Environmental Science

Department of Forest Science

The Graduate School

Seoul National University

Kirengeshoma palmata Yatabe is a Hydrangeaceae perennial herb native to the valleys of East Asia. The Red List of the International Union for Conservation of Nature (IUCN) is classified as Endangered B2ab(ii, iii, v). Genetic monitoring to evaluate the current status of genetic resources and demographic monitoring studies are currently underway for the conservation of

rare plants worldwide. One of the effective quantitative analysis methods is Population viability analysis (PVA). In this study, clonal structure analysis was performed on a native population of Baekun Mountain. Population growth rate of each population at Mt. Baekun and Ungseokbong, Sancheong-gun was obtained by creating a projection matrix for each group. The microsatellite analysis of 23 samples of 10m² squares near the valley of Mt. Baekun revealed that these individuals were composed of 19 genotypes, and genotypes were classified into one dense clump. Population vitality analysis showed that the four groups were expected to decrease ($\lambda=0.929$), maintain ($\lambda=1$), and grow ($\lambda=1.114$), respectively. However, populations that maintain and grow are also very vulnerable to external factors from a long-term perspective. Elasticity analysis of the projection matrices showed that the retention rate of mature individuals was the most significant factor in population size in all four populations. For an effective conservation strategy, it will be necessary to carry out population viability analysis based on long-term monitoring data and comparisons of clonal structures in populations.

Keywords : *Kirengeshoma palmata*, endangered plant, clonal structure, microsatellite marker, demographic study, population viability analysis

Student Number : 2017-23701

